

修士学位論文

題名

抗菌ペプチド Drosomycin 遺伝子群における
コピー数変異生成メカニズムの解明

指導教授 田村 浩一郎 教授

平成 28 年 2 月 16 日 提出

首都大学東京大学院

理工学研究科 生命科学専攻

学修番号 14881305

氏 名 市川 里紗

要旨

昆虫の自然免疫機構の一つに抗菌ペプチドがあるが、キイロショウジョウバエ (*Drosophila melanogaster*) における主要な抗菌ペプチドとして drosomycin が知られている。drosomycin をコードする遺伝子は *Drs*、*Dro2*、*Dro3*、*Dro4*、*Dro5*、*Dro6*、*Dro1* の 7 遺伝子で、遺伝子間で発現パターンが異なることがわかっていてる。また、7 遺伝子のうち *Dro2*、*Dro3*、*Dro4*、*Dro5* が局在するゲノム領域（以下 **Dro2-5 領域**）について調べた先行研究から、重複や欠失により、キイロショウジョウバエ種群の種間で存在する遺伝子の有無やコピー数に多様性があることがわかっていてる。このことから、drosomycin 遺伝子は短時間に遺伝子重複や欠失を繰り返して進化してきたと考えられる。そこで本研究では、**Dro2-5 領域**の配列を進化的に近縁な種内で比較することにより、コピー数変異生成メカニズムを解明することを試みた。キイロショウジョウバエ種群の中で比較的 *Dro3* のコピー数が多く、関東で採集可能なキハダショウジョウバエ (*D. lutescens*) を材料として用いた。先行研究から *D. lutescens* は **Dro2-5 領域**に 3 コピーの *Dro3* (*Dro3-1*、*Dro3-2*、*Dro3-3*)、*Dro4* および *Dro5* が存在していることがわかっていてる。*D. lutescens* 10 系統の **Dro2-5 領域**の配列を決定した結果、種内に配列長の異なる 3 種類の配列型（標準型、短型、長型）が見つかった。Dot plot 法により標準型と他の 2 種類の配列型の塩基配列を比較したところ、長型は *Dro3-1* 上流に 810bp の挿入があり、短型は *Dro3-1* を含む 711bp の欠失があることが判明した。このことから、種内でもコピー数に多様性があることがわかった。また、アミノ酸配列を種内で比較したところ *Dro3-1*、*Dro3-3*、*Dro4*、*Dro5* はどの系統でも機能的に保存されていることが示唆されたが、

*Dro3-2*は2系統で抗菌ペプチドの機能に必要な3箇所のジスルフィド結合が全て壊れていることから機能を失っていることが示唆された。すなわち、種内で*Dro3*の機能にも多様性があることが示唆された。さらに、挿入・欠失がおこったと予測される部位(切断点)を比較したところ*Dro3-1*の上流、*Dro3-3*と*Dro4*の間の遺伝子間領域に多く見られた。*Dro3-2*の上流と*Dro3-3*の上流は変異が少ないことから発現に必要な領域が保存されていることが示唆され、*Dro3*コピーの中でも重要な役割を果たしている可能性がある。切断点周辺の配列を比較したところ、TC または GA の間に切断点が多いことがわかり、10 bp 以上の長さの挿入・欠失がおこる DNA 配列は G+C 含量が低いことが分かった。これらのことから、大きな挿入・欠失は G+C 含量の関与が示唆され、特定の配列に挿入・欠失が起こりやすい可能性が考えられる。さらにキイロショウジョウバエ 9 種の *Dro2-5* 領域中で反復配列を多く含む転移因子 (Transposable Element : TE) の断片を検索してみたところ、*drosomycin* 遺伝子のコピーが多い種ほど多くの反復配列が見られる傾向があった。このことから、TE 断片がコピー数の変異に影響を与えたことが示唆された。

Abstract

Antimicrobial peptides (AMPs) are major innate immune mechanisms in insects. Among seven AMPs known to be in *Drosophila melanogaster*, drosomycin is recognized as a major AMP encoded by seven genes (*Drs*, *Dro2*, *Dro3*, *Dro4*, *Dro5*, *Dro6* and *Drs-l*). Previous studies showed that there are different expression patterns between the seven drosomycin genes. Previous studies have shown that there are copy number variations in *Dro2*, *Dro3*, *Dro4* and *Dro5* among several species closely related to *D. melanogaster*. These variations are expected to have evolved in a short evolutionary time by repeated gene duplications and deletions.

In this study, therefore, to infer the mechanisms of the frequent gene duplications and deletions, I compared the nucleotide sequences within a species using sixteen strains of *D. lutescens* because this species has a relatively large number of drosomycin gene copies. Previous studies showed that *D. lutescens* has three copies of *Dro3* (*Dro3-1*, *Dro3-2* and *Dro3-3*), in a genome region containing *Dro2*, *Dro3*, *Dro4* and *Dro5*, named 'Dro2-5 region' in this study. Determining ten nucleotide sequences of Dro2-5 region from *D. lutescens*, I found 3 different types of sequence length variants (standard, short and long alleles). Comparing the long and short allele nucleotide

sequences to the standard allele by the dot plot analysis, I found that the long allele has an insertion of 810 bp upstream *Dro3-1* and short allele has and deletion of 711 bp including the entire coding region of *Dro3-1*. These results suggested variability of copy number of *Dro3* within species as well as between species. In addition, comparing amino acid sequences within *D. lutescens*, it is suggested that *Dro3-1*, *Dro3-3*, *Dro4* and *Dro5* are functionally conserved within species but *Dro3-2* lost its function in two lines due to disruptions of three disulfide bonds required for the function of drosomycin. This suggests variability of *Dro3* function within species. Furthermore, I found that there are more insertions and deletions in upstream *Dro3-1* and intergenic regions between *Dro3-3* and *Dro4*, whereas there are less insertions and deletions upstream *Dro3-2* and upstream *Dro3-3*, suggesting conservation necessary for the regulation of gene expression. *Dro3-2* and *Dro3-3* possibly have more important role than *Dro3-1*. Comparing the sequences surrounding insertions and deletions, I found that more insertions and deletions have occurred between T and C (or G and A on the opposite strand). I also found that insertions and deletions of 10 bp or longer tend to have occurred in low G+C content regions, suggesting that the G+C content has an effect on the generation of insertion and deletion. It is suggested that some insertion and deletion event has a target

sequence. Therefore, I further searched in Dro2-5 region of the nine species of the *D. melanogaster* subgroup for the fragments of transposable elements (TE), which often contain repetitive sequences responsible for insertions and deletions. As the result, I found that species having many copies of drosomycin gene tend to have many TE fragments, suggesting that the TE fragments may have an effect to generate the copy number variations.

目次

序論	2
材料・方法	4
結果	17
考察	23
結論	28
今後の展望	29
謝辞	31
参考文献	32
表	35
図	39
付図	60

序論

ショウジョウバエは発酵、腐敗した植物、菌類を摂食する。そのような様々な微生物が存在する環境に適応するため、ショウジョウバエにとって微生物耐性は重要であると考えられる。ショウジョウバエは、メラニン形成系、抗菌ペプチド、血球細胞による捕食・包囲化などの自然免疫機構によって有害な細菌、カビなどの微生物の感染に応答していることが知られている (Cerenius et al. 2008, Hetru and Hoffmann. 2009, Schmid MR et al. 2014)。自然免疫機構のひとつである抗菌ペプチドは、一般的に数十アミノ酸からなる分子量 1 万未満の高分子化合物で、ショウジョウバエの生体防御機構において重要な役割を担っていることが知られている (Lemaitre and Hoffmann 2007 for review)。

Drosophila melanogaster (キイロショウジョウバエ) では drosomycin、drososin、cecropin、metchnikowin、defensin、diptericin、attacin の 7 種類の抗菌ペプチドが知られている。この 7 種類の抗菌ペプチドをコードする遺伝子の数や体液中の濃度は異なっている (表 1)。その中で、drosomycin はコードする遺伝子の数が最も多く、また体液中の濃度も高い。このことから、drosomycin は抗菌ペプチドの中でも主要な役割を果たしていると推測されている (Lemaitre and Hoffmann 2007 for review)。

D. melanogaster では、drosomycin をコードする 7 遺伝子 (以下 drosomycin 遺伝子群) は全て第 3 染色体上に存在する。その中で *Dro2*、*Dro3*、*Dro4*、*Dro5* の 4 遺伝子は 3 kb 以内に局在している。そして、*Dro5* の下流約 18kb の位置に *Dro-1* と *Dro6* があり、さらに下流約 33 kb の位置に *Drs* が存在している。それぞれの遺伝子のコード領域は 210 bp から 219 bp である。また、*Dro-1*、*Dro6* は転写方向が他の遺伝子と異なる (Yang et al. 2006、図 1)。このように、

drosomycin 遺伝子群がゲノム中の比較的近い場所に局在していることは、これらの遺伝子が共通の祖先遺伝子から遺伝子重複によって生じたことを示唆する。

キイロショウジョウバエ種群に属する 8 種のショウジョウバエの *Dro2*、*Dro3*、*Dro4*、*Dro5* の塩基配列や遺伝子構成を調べた研究から、種によって *Dro2* が欠失していたり、*Dro3* に複数のコピーが存在していたりすることがわかった（落合 2012 修士論文、図 2）。このことは、キイロショウジョウバエ種群の進化過程で、何回もの遺伝子重複や欠失があったことを示唆する。中でも *Dro3* はコピー数の多様性が *drosomycin* 遺伝子の中でも特に大きく、遺伝子重複の頻度は全ての遺伝子の平均値に比べて 8 倍以上高いことが推定された（落合 2012 修士論文）。また、*Dro3* コピー間で系統関係と発現パターンや発現量を比較したところ、それらの間に関係性は見られなかった（宮下 2015 修士論文）。このことから、遺伝子のコード領域の配列の相同性は発現パターンの類似性とは無関係であることが分かり、*Dro3* の制御領域は変異しやすいことが予想された（宮下 2015 修士論文）。これらのことから *Dro2*、*Dro3*、*Dro4*、*Dro5* が局在する *Dro2-5* 領域は、遺伝子の重複・欠失だけでなく近傍領域も変異が起こりやすいと考えられる。そこで本研究では、コピー数変異生成のメカニズムを解明することを目的とし、配列の類縁関係がより近縁な種内系統間で *Dro2-5* 領域の塩基配列を比較解析した。先行研究において調べられていたキイロショウジョウバエ種群 9 種のうち *Dro3* のコピー数が比較的多く、関東で採集可能な *Drosophila lutescens*（キハダショウジョウバエ）を採集し、系統ごとに *Dro2-5* 領域の塩基配列を決定し、比較解析を行った。

材料と方法

Drosophila lutescens (キハダショウジョウバエ) 系統

本研究では、主に本学キャンパスで採集した *Drosophila lutescens* を材料として用いた。*D. lutescens* の採集にはトラップ法を用いた。トラップには、皮ごと 3 センチ間隔で切り、手でつぶしたバナナにドライイーストをふりかけ、よくまぜた後、1 時間ほど常温で静置したものをエサとして用いた。トラップ本体は、牛乳パックの先端を雨が入らないように細工したものを使い、内部に発酵させたバナナのエサを入れた。トラップ本体に穴を開けスズランテープを通し、日陰に設置し、翌日以降採集を行った。採集されたショウジョウバエの中から *D. lutescens* のメス個体を選び出し、1 匹ずつ 1 本の標準コーンミール培地（寒天末 0.9 %、コーンミール 9 %、グルコース 10 %、乾燥酵母 2 %、プロピオン酸 0.3 %、ボーキニン 1 %）に入れて 20 °C で飼育し、単一雌由来系統 (isofemale line) を確立した。

実験には上記方法で採取した 15 系統 (TMU-1、TMU-2、TMU-3、TMU-4、TMU-5、TMU-6、TMU-7、TMU-8、TMU-9、TMU-10、TMU-11、TMU-12、TMU-13、TMU-14、TMU-15) および本研究室で系統維持されている 548-5 系統を用いた。そのうち 10 系統 (548-5、TMU-1、TMU-2、TMU-4、TMU-5、TMU-6、TMU-7、TMU-8、TMU-10、TMU-13) については、Dro2-5 領域の全塩基配列の決定に成功した。

塩基配列決定

DNA 抽出

DNA 抽出には Boom et al. (1990) に基づくシリカゲルによる方法を用いた。1.5ml チューブの中に Binding Buffer (5M Guanidine Thiocyanate; 100 mM Tris-HCl pH 6.6) 400 μ l、ショウジョウバエの成虫 1 個体を入れ、バイオマッシャー II を用いてホモジナイズした後、70 °C で 10 分間インキュベートした。1 分間遠心分離 (12,000 rpm、20 °C) 後、上清をシリカゲル懸濁液 (シリカゲル: 高速液体クロマトグラフ用シリカゲル、直径 5 μ m、球状、0.01N 塩酸懸濁、シリカゲルと塩酸は等量) 10 μ l の入った 1.5 ml のチューブに回収し、ボルテックスで混合後、1 分毎にボルテックスしながら常温で 5 分間静置した。そして 1 分間遠心分離 (12,000 rpm、20 °C) 後、上清をアスピレーターで除去し、DNA が吸着したシリカゲルの沈殿を回収した。シリカゲルの沈殿に Binding Buffer 400 μ l を加え、よく混合し、1 分間遠心分離 (12,000 rpm、20 °C)、上清をアスピレーターで除去した。次に Guanidine Thiocyanate の洗浄除去のため、Wash Buffer (10 mM Tris-HCl pH 7.5; 100mM NaCl:Ethanol=1:4) 500 μ l を加え、よく混合し、30 秒間遠心分離 (12,000 rpm、20 °C)、上清をアスピレーターで除去した。この操作をもう一度繰り返した後、沈殿が半乾き程度になるよう風乾して残留 Ethanol を除去した。この沈殿に TE (10 mM Tris-HCl pH 8.0; 0.1 mM EDTA) 50 μ l を加え、よく混合し、70 °C で 5 分間インキュベートした後、30 秒間遠心分離 (12,000 rpm、20 °C) し、DNA が溶出した上清を回収した。

PCR 法による Dro2-5 領域の増幅

3 段階の PCR によりゲノム DNA から *Dro2*、*Dro3*、*Dro4*、*Dro5* を含む Dro2-5 領域の DNA 増幅を行った。

1st PCR

先行研究 (落合 2012) より、*D. melanogaster* において Dro2-5 領域の約 1 kb 上流に存在する *ZnT63C* 遺伝子、約 800 bp 下流に存在する *CG12077* 遺伝子内で配列が種間で保存されている部分を用いて設計したプライマー

(ZnT63C-8336F : 5'-TGGCCAACATGGACGAG-3'、CG12077-979F : 5'-ATCGTGGAGGAGAACACCG-3') を用い、*D. lutescens* から抽出したゲノム DNA を鋳型にし、TAKARA LA Taq Polymerase を用いて PCR を行い、Dro2-5 領域の PCR 増幅を行った。具体的にはゲノム DNA 溶液 1 μ l (成虫 1/50 個体分) を PCR 反応液 19 μ l (LA taq 0.2 μ l、10 \times LA PCR Buffer 2 μ l、25 mM MgCl₂ 2 μ l、2.5 mM dNTP Mix 3.2 μ l、10 μ M ZnT63C-8336F プライマー 0.4 μ l、10 μ M CG12077-979F プライマー 0.4 μ l、DW 10.8 μ l) に加え、サーマルサイクラーで下記の反応条件で PCR を行った。反応条件は 94 $^{\circ}$ C 1 分間の後、98 $^{\circ}$ C 10 秒間、68 $^{\circ}$ C 7 分間を 1 サイクルとし、これを 35 サイクル行い、最後に 72 $^{\circ}$ C 10 分間の伸長反応を行った。PCR 反応後の産物は全てアガロース電気泳動によって確認した。

2nd PCR

D. lutescens の Dro2-5 領域は長く収量が悪く、1st PCR では非特異的増幅産物も見られた。そこで Dro2-5 領域を Dro2-5-1 と Dro2-5-2 の 2 領域に分け、それぞれの領域を、1st PCR 産物を鋳型として PCR 増幅した。具体的には、鋳型 DNA 溶液 1 μ l を PCR 反応液 19 μ l (LA taq 0.2 μ l、10 \times LA PCR Buffer 2 μ l、25 mM MgCl₂ 2 μ l、2.5 mM dNTP Mix 3.2 μ l、10 μ M F プライマー 0.4 μ l、10 μ M R プライマー 0.4 μ l、DW 10.8 μ l) に加え、PCR を行った。反応条件は 94 $^{\circ}$ C 1 分間の後、98 $^{\circ}$ C 10 秒間、68 $^{\circ}$ C 4 分 30 秒間を 1 サイクルとし、これ

を 35 サイクル行い、最後に 72 °C 10 分間の伸長反応を行った。使用したプライマーは表 2、図 3 に示す。PCR 増幅産物はアガロース電気泳動によって確認した。

3rd PCR

Dro2-5 領域には多くの重複領域が含まれているため、シーケンシングの際、複数の場所にプライマーが付着し、配列決定ができない場合があった。そこで、2nd PCR 産物を鋳型として 3rd PCR を行い、多数の短い領域に分けることによって複数の場所にプライマーが付着することを防いだ。鋳型 DNA 溶液 1 µl を PCR 反応液 19 µl (taq 0.1 µl、10×PCR Buffer 2 µl、2.5 mM dNTP Mix 1.6 µl、10 µM F プライマー 1 µl、10 µM R プライマー 1 µl、DW 13.3 µl) に加え、反応を行った。プライマーは表 2 に示すプライマーセットを用いた。反応条件は 95 °C 1 分間の後、95 °C 15 秒間、プライマーごとに表 2 に示す Annealing の温度で 20 秒間、72 °C を表 2 に示す Extension の時間を 1 サイクルとし、これを 35 サイクル行い、最後に 72 °C 7 分間の伸長反応を行った。アガロース電気泳動後、目的のバンドを切り出し、切り出したアガロース断片から DNA を回収した。

シリカゲルによる DNA 精製

PCR 後の PCR 産物は以下の方法で精製した。

PCR 産物 20 µl を、あらかじめ Binding Buffer 80 µl、シリカゲル懸濁液 10 µl が入った 500 µl チューブに加え、ボルテックスにて混合後、1 分毎にボルテックスしながら常温で 5 分間静置した。1 分間遠心分離 (12,000 rpm、20 °C) し、上清をアスピレーターで除去した。次に Wash Buffer 80 µl を加えよく混合し、

30 秒間遠心分離（12,000 rpm、20 °C）、上清をアスピレーターで除去した。この操作をもう一度繰り返した後、沈殿を風乾して残留 Ethanol を除去した。最後に TE 50 µl を加え、ボルテックスでよく混合後、30 秒間遠心分離（12,000 rpm、20 °C）して上清を回収した。

アガロースゲルからの DNA 回収および精製

1.5 ml チューブにスピнкаラムを装着し、その中に切り出したアガロースゲル断片（100 mg 以下）を入れ、10 分間遠心（12,000 rpm、20 °C）し、ゲル断片から DNA 溶液を絞り出した。さらにスピнкаラムに TE 50 µl を加え、1 分間遠心（12,000 rpm、20°C）し、DNA 溶液を 1.5 ml チューブに回収した。回収した DNA 溶液に Binding Buffer 400 µl とシリカゲル 10 µl を加えよく混合した後、1 分毎にボルテックスしながら 5 分間静置した。そして 1 分間遠心分離（12,000 rpm、20°C）後、上清をアスピレーターで除去し、DNA が吸着したシリカゲルの沈殿を回収した。次に Wash Buffer 500 µl を加え、よく混合し、30 秒間遠心分離（12,000 rpm、20 °C）、上清をアスピレーターで除去した。この操作をもう一度繰り返した後、沈殿が半乾き程度になるよう風乾して残留 Ethanol を除去した。この沈殿に TE 50 µl を加え、よく混合後 30 秒間遠心分離（12,000 rpm、20 °C）し、上清を回収した。

精製後の DNA 溶液は、吸光度測定機を用い波長 260 nm の紫外線吸光度を測定し、DNA の濃度を測定した。

クローニング

Dro2-5 領域の中で、重複により PCR のみでは配列を決定できなかった領域については、クローニングを行い、ベクター中にプライマーを設定することで

配列を決定した。以下の手順でクローニングを行った。

制限酵素サイトの付加

プライマーの両端に制限酵素サイトの配列（GGAATTC）を付加することで PCR によって増幅領域両端に制限酵素サイトを付加した。具体的には 2nd PCR 産物を精製したものを鋳型とし、鋳型 DNA 溶液 0.8 μ l を PCR 反応液 19.2 μ l（iproof DNA polymerase 0.2 μ l、5 \times iproof HF Buffer 4 μ l、dNTP Mix 0.8 μ l、10 μ M EcoR1-All4F プライマー1 μ l、10 μ M EcoR1-10R プライマー1 μ l、DW 12.2 μ l）に加え、反応を行った。反応条件は 98 $^{\circ}$ C 1 分間の後、98 $^{\circ}$ C 5 秒間、65 $^{\circ}$ C 15 秒間、72 $^{\circ}$ C 30 秒間を 1 サイクルとし、これを 35 サイクル行い、最後に 72 $^{\circ}$ C 10 分間の伸長反応を行った。PCR 反応後の産物は全てアガロース電気泳動によって DNA 断片の増幅を確認した。その後ゲルから DNA を抽出し、精製したものを制限酵素処理に用いた。

制限酵素処理

上記の PCR 産物 45 μ l を 500 μ l チューブに入れ、そこに 10 \times H buffer 5 μ l、*Eco*RI 1 μ l を入れ、37 $^{\circ}$ C で 1 時間インキュベートした。その後、シリカゲルによって精製した DNA をライゲーションに用いた。

ライゲーション

ベクターDNA に PUC19 を用い、インサート DNA に制限酵素処理後の PCR 産物を用いた。反応溶液はベクターとインサートのモル比が 1:3 なおかつ、ベクターDNA+インサート DNA+DW が 8.5 μ l になるように調節し、そこに T4 DNA ligase 0.5 μ l、10 \times Ligation buffer 1 μ l を入れ、16 $^{\circ}$ C で一晩静置した。

トランスフォーメーション

Competent cell (DH5 α) を氷中で溶かした後、ライゲーション処理後のプラスミド DNA 溶液を 5 μ l 加え 30 分氷上で静置した。その後 42 $^{\circ}$ C のお湯に 30 秒インキュベートし、再び氷上に 2 分静置した。さらに SOC 培地 500 μ l を加え、37 $^{\circ}$ C で 30 分間インキュベートした後、遠心 (5,000 rpm 以下、5 分間) して 50~100 μ l だけ残し上清をアスピレーターを用いて除去した。沈殿と溶液をピペッティングで混ぜた後、100 mM IPTG 4 μ l と 20 mg/ml Xgal 40 μ l を加えた 20 ml の LB 寒天培地 (1% NaCl、1% hypolypton、0.5% Yeast extract、1.5% agar powder、Ampicillin 50 μ g/ml) に塗布した。その後、37 $^{\circ}$ C で 12 時間~16 時間インキュベートした。

Colony PCR

トランスフォーメーション後、寒天培地上にできたコロニーに目的のプラスミドが入っているかを PCR によって確認した。プライマーは、クローニングサイトの両端になるように M13 F20 (5'-GTTGTAAAACGACGGCCACT-3') と M13 RV (5'-GGATAACAATTTTCACACAGG-3') を用いた。白いコロニーを滅菌した爪楊枝でつつき、PCR 反応液 20 μ l (taq 0.1 μ l、10 \times PCR Buffer 2 μ l、2.5 mM dNTP Mix 1.6 μ l、10 μ M の M13 F20 プライマー 0.5 μ l、10 μ M の M13 Rv プライマー 0.5 μ l、DW 15.3 μ l) に加え、PCR 増幅を行った。反応条件は 95 $^{\circ}$ C 2 分間の後、95 $^{\circ}$ C 15 秒間、56 $^{\circ}$ C 20 秒間、72 $^{\circ}$ C 2 分間を 1 サイクルとし、これを 35 サイクル行い、最後に 72 $^{\circ}$ C 7 分間の伸長反応を行った。PCR 後、アガロース電気泳動によって DNA 断片の有無を確認した。

大腸菌からのプラスミド DNA 抽出および精製

2 ml の LB 液体培地 (1% NaCl、1% hypolypton、0.5% Yeast extract、Ampicillin 50 µg/ml) を入れた試験管に目的のコロニーを移植し、12~16 時間 37 °C で振盪培養した。培養した溶液を 1.5 ml チューブに 1 ml 入れ、遠心分離 (5,000 rpm、5 分間) し、上清をアスピレーターで除去後、試験管に残った 1 ml を同じチューブに入れ同じ作業を行った。沈殿が入ったチューブを氷上におき、50 mM glucose; 10 mM EDTA; 25 mM Tris-HCl (pH8) 100 µl を加え再懸濁した。リゾチーム (0.001 g/ml) を 8 µl と 0.2 N NaOH; 1% SDS 200 µl を加え、チューブをひっくり返して攪拌後、氷上で 5 分間静置した。その後、3 M 酢酸カリウムを 150 µl 加え、再びインバートし 5 分間氷上で静置した。遠心分離 (5,000 rpm、10 分間) 後、上清を別の 1.5 ml チューブに入れ、3M 酢酸カリウムを 45.8 µl とイソプロエタノール 510 µl をいれ、氷上で 5 分間静置した。遠心分離 (1,2000 rpm、15 分間) 後、上清を捨て、70% エタノールを 1 ml 加え、再び遠心分離 (12,000 rpm、10 分間) を行った。遠心分離後、上清を捨て、TE を 30 µl 入れ、再懸濁した溶液に Binding Buffer 200 µl、シリカゲル懸濁液 20 µl を加え、ボルテックスにて混合後、1 分毎にボルテックスしながら常温で 5 分間静置した。1 分間遠心分離 (12,000 rpm、20°C) し、上清をアスピレーターで除去した。次に Wash Buffer 200 µl を加えよく混合し、30 秒間遠心 (12,000 rpm、20°C)、上清をアスピレーターで除去した。この操作をもう一度繰り返した後、沈殿を風乾して残留 Ethanol を除去した。最後に TE 50 µl を加え、ボルテックスでよく混合後、30 秒間遠心 (12,000 rpm、20 °C) して上清を回収した。

サブクローニング

500 μ l チューブに上記のプラスミド DNA (250 ng/ μ l) 40 μ l、10 \times H buffer 10 μ l、*Bam*HI を 5 μ l、*Pst*I を 5 μ l、DW40 μ l 加え、37 $^{\circ}$ C で 1 時間インキュベートした。その後、シリカゲルによる DNA 精製法で精製した。500 μ l チューブに MB Nuclease buffer を 100 μ l 入れ氷上におき用意した。別の 500 μ l チューブに制限酵素処理後の精製 DNA 溶液 (100 ng/ μ l) を 90 μ l と 10 \times ExoIII Buffer 10 μ l、ExonucleaseIII を 1 μ l 加え、ボルテックスにて攪拌し、37 $^{\circ}$ C でインキュベートした。1 分毎に 10 μ l ずつサンプリングし、MB Nuclease buffer 中に順次加えた。サンプリング後、65 $^{\circ}$ C 5 分間インキュベートし、37 $^{\circ}$ C に戻した。その後、Mung Bean Nuclease を 2 μ l 加え、37 $^{\circ}$ C で 30 分インキュベートし、シリカゲルによる DNA 精製法で DNA を精製した。500 μ l チューブに精製した DNA 17.5 μ l、10 \times Klenow Buffer 2 μ l、Klenow fragment 0.5 μ l を加え、37 $^{\circ}$ C 15 分間インキュベートした。シリカゲルによる DNA 精製法で精製後、上記方法でライゲーション、トランスフォーメーションを行い、コロニー PCR で確認された大腸菌からプラスミド DNA の抽出・精製を行い、アガロース電気泳動によって適切な長さになったものをシーケンシングに用いた (図 4)。さらに、Taq ポリメラーゼのエラーを検出するため複数のコロニーからサブクローニングを行った。

シーケンシング

DNA の濃度が 25~50 ng/ μ l になるように調整した 3rd PCR 産物または 150 ng/ μ l になるように調整したプラスミド DNA 産物を鋳型とし、シーケンス反応をおこなった。シーケンス反応には BigDye Terminator v3.1 Ready Reaction Cycle Sequence Kit (Applied Biosystems) を用いた。反応に用いた

プライマーは表 3 に示す。いずれも 1.6 μ M に調製したものをを用いた。反応後 labeled dideoxynucleotides の残渣を除去するためエタノール沈殿を行った。シーケンス反応後の産物に 125 mM EDTA 3 μ l と、Ethanol 30 μ l を加え、よく混合し、遮光した状態にて 15 分間室温で静置した。その後、30 分間遠心分離 (12,000 rpm、4 $^{\circ}$ C) し、上清を捨てた。そこに 2 $^{\circ}$ C の 70% Ethanol 30 μ l を加え、混合し、15 分間遠心分離 (12,000 rpm、4 $^{\circ}$ C) し、上清を捨て、風乾した。沈殿を Hi-Di ホルムアミド 15 μ l で溶解し、95 $^{\circ}$ C で 2 分間インキュベート後、氷水中で 5 分間急冷した。

塩基配列決定は ABI3130xl オートシーケンサーを用いて行った。複数の個体のシーケンスを行い、ホモ化されたデータを用いた。ホモ化されなかった個体は 2nd PCR 後、目的の分子量の DNA 断片をゲルから抽出あるいはクローニングを行いシーケンス反応まで行った。

塩基配列の相同性の解析

決定された塩基配列の解析には MEGA version 6.0 ソフトウェア (Tamura et al. 2013) を用いた。MEGA6 に含まれる ClustalW (Higgins D et al. 1994) を用いて配列アライメントを行い、相同領域を塩基座レベルで決定した。また、一部の領域には MUSCLE (Edger, Robert C 2004) も用いた。

ドットプロット法

種内で drosomycin 遺伝子の重複・欠失を解析するためにドットプロット法を用いた。解析にはウェブ上に公開されている解析ソフト Dot Plot (<http://www.vivo.colostate.edu/molkit/dnadot/>) を用いた。2 種類の配列間で 19 塩基中 15 塩基以上が一致するは場合に 1 ドットを表示する条件として配列

間の相同性を網羅的に検証した。

発現制御領域の検索

非コード領域の種内変異が発現制御に影響しているかを検証するため、免疫反応に関与していると推測されているプロモーター配列の検索を行った。プロモーターの検索にはウェブ上に公開されている解析ソフト NNPP

(http://www.fruitfly.org/seq_tools/promoter.html) を用い、デフォルトの条件 (Reese MG, 2001) で検索されたプロモーターのうちコード領域の開始コドンから上流 150 bp 以内の配列をコアプロモーターとした。また、転写因子の検索には MEGA6 の検索機能を使い、NF- κ B/Rel 結合配列 (GGGRAYYYYYY)、GATA 結合配列 (WGATAR)、IL6-respons element (IL6-RE) 結合配列

(TKNNGNAAK) および interferon consensus element (ICRT) 結合配列 (GGAAANN) の検索を行った。そのうち NF- κ B/Rel 結合配列は 9 塩基一致、それ以外は完全一致の部位をプロモーター結合部位とした (Deng, Xiao-Juan, et al. 2009)。

G+C 含量の測定

G+C 含量が挿入・欠失に関与しているかを検証するため、G+C 含量のヒートマップを作成し、挿入・欠失の切断点との関連を調べた。ヒートマップは 20 bp ごとに非重複的移動分画 (non-overlapping sliding window) で G+C 含量を調べた。G+C 含量が高い分画はより青く、G+C 含量が低い分画はより赤く表示した。切断点は挿入・欠失が起こったと予測される配列の両端とした。切断点の平均は、全系統の切断点の含まれる分画の G+C 含量の平均とし、全ての切断点、1~9 bp の挿入・欠失の切断点、10 bp 以上の挿入・欠失の切断点ごとに分けて

計算した。各切断点を含む分画の G+C 含量の平均と切断点の G+C 含量の平均を比較し、G+C 含量と切断点の間で相関を調べた。

2 塩基頻度の測定

挿入・欠失が起こった切断点が特定の配列に関与しているかを検証するために切断点の両側の塩基の組合せの 2 塩基頻度を計算した。例えば、A と A の間に挿入が起こった場合の切断点の 2 塩基は AA または逆鎖の TT となる。同様に CC または GG、CG または GC、AT、AC または GT、AG または CT、TA、TC または GA、TG または CA の頻度を計算した。そして、非コード領域内の全ての 2 塩基頻度と比較して切断点の 2 塩基頻度が高いか低いか調べた。また、挿入・欠失断片の長さが 1~9 bp の場合、10 bp 以上の場合に分けて頻度を調べた。

種間における反復配列の解析

転移性因子 (Transposable element: TE) は重複・欠失の原因となる反復配列を多く含むため、TE の断片を検索することにより TE が重複・欠失の原因となった可能性を検討した。キイロショウジョウバエ種群 9 種の Dro2-5 領域、および対照データとしてキイロショウジョウバエの全ゲノムに存在する TE 断片の検索を行った。

検索した TE は Fly Base (<http://flybase.org/>) に登録されている *D. melanogaster* の `dmel-all-transposon-r5.54.fasta.gz` (ftp://ftp.flybase.net/genomes/12_species_analysis/genomes/Drosophila_melanogaster/dmel_r5.54_FB2013_06/fasta/) を用いた。検索は NCBI にある Local BLAST (blast-2.2.25+) を用いた。Local blast の条件は `-task blastn-short -evalue 0.1` で行った。

Dro2-5 の配列は、キイロショウジョウバエ種群 9 種の中、*D. suzukii*、*D. takahashii*、*D. euracilis*、*D. lutescens* および *D. ficusphila* の 5 種については先行研究（落合 2012 修士論文）で決定された配列を用い、*D. melanogaster*、*D. simulans*、*D. sechellia*、*D. yakuba* の 4 種については、全ゲノムの塩基配列（Drosophila 12 Genomes Consortium 2007）から抽出して用いた。同じ部分に複数の TE 断片がヒットした場合、配列の長いものを優先し、一つの反復配列領域としてカウントした。

一方、ゲノム領域と Dro2-5 領域の TE 断片数の比較では、*D. melanogaster*、*D. simulans*、*D. sechellia*、*D. yakuba*（Drosophila 12 Genomes Consortium 2007）およびその後全ゲノム配列が決定された *D. euracilis*、*D. takahashii* および *D. ficusphila*（The modENCODE Project, Baylor College of Medicine）の合計 7 種について、全ゲノムの塩基配列から Dro2-5 領域とその両端 1 Mb ずつの配列を解析に用いた。その際 TE 断片の重複が多く、一つの TE 断片を選択することが難しかったため、重複が少なくなるように検索された TE 断片のうち 30 bp 以下の小さい断片を用い、同じ部分に重なっているものは全て重複してカウントした。検索された TE 配列を解析するために Python2.2.27 を用いた。

結果

種内における drosomycin 遺伝子群を含む領域の塩基配列

D. lutescens 種内における drosomycin 遺伝子群を含む領域の塩基配列を決定した (付図 1)。その結果、種内で塩基配列の長さに 3 つの型が見られた (図 5)。最も多く (32 本中 24 本) 見られる配列型を標準型とし、標準型と比較して約 800 bp 長い配列型を長型、約 750 bp 短い配列型を短型とした。標準型は 5578 bp~5628 bp (付図 2~9)、長型は 6394 bp (付図 10)、短型は 4853 bp (付図 11) であった。

そこで、これらの 32 本の塩基配列を決定することを試みた。系統ごとに複数個体の配列を決定した結果、16 系統中 8 系統でホモ接合体の配列が決定され、8 本の標準型配列が決定できた。しかし、長型、短型については、標準型とのヘテロ接合体しか得られず、2nd PCR 後、目的の分子量の DNA 断片をゲルから抽出あるいはクローニングを行うことで単離した。その結果、32 本中 10 本の塩基配列 (標準型 8 本、短型 1 本、長型 1 本) のみ決定に成功した。これらの配列の間には、塩基配列の長さ以外にも塩基の差異があることが分かった。コード領域に関しては PCR によって増幅できた 10 本以上の配列 (*Dro3-1*: 15 本、*Dro3-2*: 16 本、*Dro3-3*: 16 本、*Dro4*: 16 本、*Dro5*: 16 本) が決定できた。

塩基配列の相同性の検証

長型と短型の挿入・欠失領域に drosomycin 遺伝子が含まれれば、drosomycin 遺伝子のコピー数変異が生じる。そこで、drosomycin 遺伝子のコピー数を調べるため、標準型に対して Dot plot による比較を行った。その結果、長型は *Dro3-1* 上流に 810 bp の非コード領域に挿入があることが分かった (図 6-1)。また、短

型は *Dro3-1* を含む 711bp が欠失していることが分かった (図 6-2)。これらの結果から、短型は *Dro3-1* の欠失により *Dro3* のコピー数が少なく、*Dro3* のコピー数には種内でも多様性があることが分かった。

遺伝子間領域における挿入・欠失

Dro3-1 コード領域上流 (Dro3-0 : 付図 1、1~1243 番目のサイト)、*Dro3-1*~*Dro3-2* コード領域間 (Dro3-1-2 : 付図 1、1458~1952 番目のサイト)、*Dro3-2*~*Dro3-3* コード領域間 (Dro3-2-3 : 付図 1、2169~2622 番目のサイト)、*Dro3-3*~*Dro4* コード領域間 (Dro3-3-4 : 付図 1、2832~3967 番目のサイト)、*Dro4*~*Dro5* コード領域間 (Dro4-5 : 付図 1、4186~5192 番目のサイト) および *Dro5* コード領域下流 (Dro5-1 : 付図 1、5402~6484 番目のサイト) における挿入・欠失を調べた (図 7)。その結果、*Dro2-5* 領域の非コード領域における種内 10 配列間に挿入・欠失は 26 箇所見つかった。挿入・欠失のサイズは単一ヌクレオチドが最も多く 7 箇所確認された。挿入・欠失のサイズが大きくなると数も少なくなった (図 8)。非コード領域ごとに挿入・欠失の頻度を比較したところ、Dro3-0 と Dro3-3-4 領域で挿入・欠失頻度が高かった (図 7)。

発現制御領域の変異

コアプロモーター領域を調べたところ、*Dro3-2* と *Dro5* の配列は種内で完全一致したが、*Dro3-1*、*Dro3-3*、*Dro4* の配列には種内で多様性があることがわかった (図 9)。また、*D. melanogaster* における先行研究で Drosomycin 遺伝子の発現に関与する転写因子結合配列が調べられている (Deng et al. 2009)。そこで、*D. lutescens* でも調べたところ、NF- κ B 結合配列が 2 箇所 (Dro3-1-2、Dro3-3-4 領域)、GATA 結合配列は 14 箇所 (Dro3-1-0 : 3、Dro3-1-2 : 3 箇所、

Dro3-2-3 : 1 箇所、Dro3-3-4 : 5 箇所、Dro4-5 : 2 箇所)、IL6-RE 結合配列は 14 箇所 (Dro3-1-0 : 6 箇所、Dro3-1-2 : 3 箇所、Dro3-2-3 : 2 箇所、Dro3-3-4 : 1 箇所、Dro4-5 : 2 箇所)、ICRE 結合配列は 11 箇所 (Dro3-0 : 3 箇所、Dro3-1-2 : 2 箇所、Dro3-2-3 : 1 箇所、Dro3-3-4 : 3 箇所、Dro4-5 : 2 箇所) で見つかった (図 10)。さらに系統によって転写因子結合配列の有無に差があることがわかった。このことから、種内で発現パターンが異なっている可能性があることがわかった。特に変異頻度が高い Dro3-1-0 と Dro3-3-4 領域は、系統間の転写因子の有無の差が他の領域に比べ大きかった。このことから、非コード領域の多様性によって発現パターンにも多様性がある可能性が示唆された。

挿入・欠失の切断点と G+C 含量との関係

挿入・欠失の頻度に及ぼす G+C 含量の影響を調べるため、Dro2-5 領域の G+C 含量ヒートマップを作成し、挿入・欠失が生じた場所付近の G+C 含量と Dro2-5 非コード領域の G+C 含量の比較を行った。結果は図 11 に示す。図 11 より、コード領域は G+C 含量が高く、非コード領域は G+C 含量が低いことが分かる。切断点が G+C 含量に関与しているかを検証するために、切断点が存在する分画の G+C 含量を比較した。Dro2-5 非コード領域における G+C 含量の平均は約 32%であったが、切断点を含む分画の G+C 含量の平均は約 29%であった。U 検定を行ったところ、Dro2-5 非コード領域と切断点の間では有意差が認められなかった。しかし、挿入・欠失の規模の大小によって分けて比較したところ、1~9 bp の挿入・欠失の切断点を含む分画の G+C 含量の平均は約 32%、10 bp 以上の挿入・欠失の切断点の G+C 含量の平均は約 25%であった。それぞれ Dro2-5 非コード領域との間で U 検定を行ったところ、1~9 bp の挿入・欠失の切断点では有意差が認められなかったが、10 bp 以上の挿入・欠失の切断点では有意差が

認められた (図 12)。このことから、1~9 bp の挿入・欠失は G+C 含量とは関係ないが 10 bp 以上の挿入・欠失は G+C 含量が低い場合に起こりやすいことが示唆された。AT 対は 2 箇所の水素結合で結ばれているが GC 対は 3 箇所の水素結合で結ばれており、G+C 含量が高い DNA はスタッキング相互作用によって G+C 含量の低い DNA よりも安定している (Yakovchuk et al. 2006)。このことから G+C 含量の低い領域は分子構造がより不安定で変異が入りやすいのかもしれない。

前述より、Dro3-0 領域と Dro3-3-4 領域で挿入・欠失の頻度が高かったことから、非コード領域ごとに G+C 含量を比較し、挿入・欠失の頻度が高い原因が G+C 含量にあるかを検証した。非コード領域の G+C 含量の平均は、Dro3-0 領域が約 36%、Dro3-1-2 領域が約 33%、Dro3-2-3 領域が約 33%、Dro3-3-4 領域が約 28%、Dro4-5 領域が約 30%、Dro5-1 領域が約 34%であった。各非コード領域と Dro2-5 非コード領域で U 検定を行ったところ、Dro3-0 領域と Dro3-3-4 領域で有意差が認められた (図 13)。このことから、Dro3-0 領域は Dro2-5 非コード領域よりも G+C 含量が高く、Dro3-3-4 領域は Dro2-5 非コード領域よりも G+C 含量が低いことがわかった。Dro3-3-4 領域は G+C 含量が低いことで挿入・欠失頻度が高い可能性が示唆される。

挿入・欠失の切断点の塩基頻度

挿入・欠失の起こる配列の特徴を調べるため、切断点の両端の塩基の組合せの頻度を調べた。その際、AA の逆鎖の配列は TT であるため、両鎖の配列数をプールした。また、比較のため、挿入・欠失の無い部分 (Dro2-5 非コード領域全体) における 2 塩基対の頻度も計算した。

Dro2-5 非コード領域全体における 2 塩基対の頻度は、AA/TT が最も多く、全

体の約 26%を占めていた。CC/GG と CG/GC は全体の約 5%で最も少なく、その他の AT、AC/GT、AG/CT、TA、TC/GA、TG/CA は全体の約 10%前後であった。切断点における 2 塩基対の頻度は Dro2-5 非コード領域と同様に AA/TT が最も多かったが、 χ^2 検定を行ったところ、TC/GA は有意に頻度が高かった (図 14)。前述の通り、Dro3-0 領域と Dro3-3-4 領域で挿入・欠失の頻度が高かったことから、非コード領域ごとに 2 塩基対頻度を計算し、この領域で挿入・欠失頻度が高い原因が、特定の 2 塩基対によるものかを検証した。その結果、Dro3-0 領域および Dro3-3-4 領域の切断点では TC/GA 配列が多いことが判明した (図 15-1、15-2)。特に Dro3-0 領域は TC/GA 2 塩基間の切断点が多かった。このことは、挿入や欠失が TC または GA 間に比較的高頻度に起こったことを示す。さらに、G+C 含量と同様に 1~9 bp と 10 bp 以上の挿入・欠失サイズに分け、2 塩基対の頻度を比較したところ、1~9 bp の挿入・欠失にける切断点の 2 塩基対の頻度は全ての切断点における 2 塩基対の頻度と同様の TC/GA で頻度が高かったのに対し、10 bp 以上の挿入・欠失における切断点の 2 塩基対の頻度は AG/CT が最も多かった (図 16)。このことは数塩基対の挿入・欠失と 10 bp 以上の長い挿入・欠失では、ターゲットとなる配列が異なる可能性を示す。

種間における転移性因子の比較解析

キイロショウジョウバエ種群 9 種の Dro2-5 領域の転移性因子 (TE) 断片を検索することにより反復配列量を推定し、反復配列が遺伝子重複や挿入・欠失に影響を及ぼしているか調べた。Dro2-5 領域における TE 断片を検索した結果、*D. melanogaster* では 5 箇所、*D. simulans* では 6 箇所、*D. sechellia* と *D. yakuba* では 2 箇所、*D. suzukii* では 11 箇所、*D. takahashii* では 14 箇所、*D. lutescens* では 13 箇所、*D. eugracillis* では 8 箇所、*D. ficusphila* では 1 箇所の TE 断片

が見つかった (図 17)。Dro2-5 領域の反復配列領域頻度を比較したところ、*D. lutescens* が最も頻度が高く、次に *D. takahashii*、*D. suzukii*、*D. eugracillis* であった。先行研究において、Dro2-5 領域に存在する drosomycin 遺伝子は種によって異なることが判明している (図 2)。Dro3 のコピーが確認された種は *D. takahashii* で Dro3-1、Dro3-2、Dro3-3、Dro3-4 の 4 コピー、*D. lutescens* で Dro3-1、Dro3-2、Dro3-3 の 3 コピー、*D. eugracillis* で Dro3-1、Dro3-2 の 2 コピーであった。反復配列の頻度は drosomycin 遺伝子のコピー数に比例する傾向が見られた。また、Dro2-5 領域における TE 断片から、*D. takahashii* の Dro3-2 と *D. lutescens* の Dro3-3 の下流にある TE 断片が一致していた。このことから *D. takahashii* の Dro3-2 は *D. lutescens* の Dro3-3 と相同な遺伝子であることが予測される (図 17)。

さらに Dro2-5 領域がゲノム領域と比較して TE 断片が多いのかを調べるために Dro2-5 領域とゲノム領域の TE 断片の比較解析を行った。その結果、*D. melanogaster*、*D. takahashii*、*D. ficusphila* で Dro2-5 領域に TE 断片が多いことがわかり、その他の種は Dro2-5 領域よりもゲノム領域に TE 断片が多いことがわかった (図 18)。

考察

種内における drosomycin 遺伝子群のコピー数変異

先行研究において、Dro2-5 領域での *Dro2*、*Dro3*、*Dro4*、*Dro5* の有無やコピー数は、キイロショウジョウバエ種群の種によって異なることが判明しており（小山 2010 修士論文）、特に *Dro3* の遺伝子重複頻度は drosomycin 遺伝子の中でも高く、一般的な遺伝子の重複頻度に比べて 8 倍以上高いことや *Dro2*、*Dro3*、*Dro4* の消失も起きていることが示唆されていた（落合 修士論文 2012）。本研究では、*D. lutescens* 種内の Dro2-5 領域において、異なる 3 種類の配列型（標準型、長型、短型）が見つかった。標準型および長型においては Dro2-5 領域に *Dro3-1*、*Dro3-2*、*Dro3-3*、*Dro4*、*Dro5* が存在するが、短型では *Dro3-1* が欠失していることが判明した。本研究で得られた *D. lutescens* の Dro2-5 領域の種内比較から、種内でも *Dro3-1* の有無に多様性が見られた。このことから、先行研究同様、*Dro3* はコピー数変異が起こりやすいことが示唆される。

drosomycin 遺伝子の種内多様性

D. melanogaster の drosomycin の構造解析によって、drosomycin タンパクの立体構造は 4 箇所のジスルフィド結合によって保たれているということがわかっていく（Yang et al. 2006）。そのうち 3 箇所はショウジョウバエ以外の昆虫や植物でも保存されているため、抗菌ペプチドとしての機能に必須であると考えられる（Tian et al. 2008）。本研究で配列を決定した *Dro3-1*、*Dro3-3*、*Dro4*、*Dro5* の塩基配列とアミノ酸配列を種内で比較したところ、塩基配列では多様性が見られてもほとんどが同義置換となる変異で抗菌ペプチドの機能に必須とされている 3 ヶ所の結合に必要となる 6 座位のシステインは保存されていた。す

なわち、これらの遺伝子の中には、ジスルフィド結合が不完全であるために抗菌ペプチドとしての機能を失っていると推測できる遺伝子はない。しかし、2系統の *Dro3-2* では塩基の欠失が見られ、アミノ酸配列では 6 座位のシステインのうち 3 座位が失われ、抗菌ペプチドの機能に必要とされるジスルフィド結合全てが壊れていることが推測された（図 19、付図 12-15）。このことから、これら 2 系統の *Dro3-2* はジスルフィド結合が不完全のために、機能を失った偽遺伝子であることが予測された。*drosomycin* 遺伝子群の発現解析を行った先行研究において、*D. lutescens* の *Dro3-2* は、幼虫でも成虫でも *Dro3-1*、*Dro3-3* と比較して発現量が少ない、あるいは発現していないこと（落合 2012 修士論文）やカビの感染によって発現量に変化が認められないことが判明している（宮下 2015 修士論文）。このことから *Dro3-2* はもともと生存や環境適応に重要ではないため、機能が失われやすいことが考えられる。さらに *Dro3-1* と *Dro3-2* のコード領域は相同性が高く特にコード領域上流は配列が一致する。*Dro3-1* と *Dro3-2* のコード領域の相同性が高いために不等交叉がおこったことによりコピー数に変異が起きた可能性も考えられる。

非コード領域における挿入・欠失

結果より、*Dro2-5* 領域において見つかった挿入・欠失は塩基数が小さいものほど多く、塩基数が大きくなると少なくなる傾向が見られた（図 8）。このことから、挿入・欠失は塩基数が小さいほど起こりやすいことが示唆される。さらに、非コード領域ごとに挿入・欠失の頻度を比較すると、*Dro3-0* と *Dro3-3-4* 領域で頻度が高いことが判明した（図 7）。このことから、*Dro3-0* と *Dro3-3-4* 領域は挿入・欠失が起こりやすいことが示唆される。転写因子結合配列の多様性と比較すると、挿入・欠失頻度と同様に *Dro3-0* と *Dro3-3-4* 領域で転写因子

結合配列の変異も多かった。このことから、Dro3-0 と Dro3-3-4 領域の変異は転写因子の結合に影響を及ぼし、種内で Dro3-1 と Dro4 の発現パターンに変異が生じていることが推測される。また、Dro3-2-3 領域は特に挿入・欠失の頻度が低いことから、挿入・欠失が起こりにくいことが示唆された。転写因子結合配列も保存されていることから、Dro3-3 の発現は必須であるため発現制御に重要な Dro3-2-3 領域は挿入・欠失の頻度が低いことが考えられる。このことから、*Dro3-3* の発現は生体にとって重要であることが示唆される。先行研究において、*Dro3* コピー間で発現パターンが異なることが分かったことから、*Dro3* 上流は変異しやすいことが予測されており、さらに *Dro3-3* の発現は *Dro3* コピーの中でも最も高く、成虫におけるアオカビ摂食時には発現量が非摂食時と比較して有意に高いことが判明している（宮下 修士論文 2015）。このことから、*Dro3* 上流は変異が起こりやすいことが推測されているが *Dro3-3* は環境適応や生体免疫に重要な役割を持っていることが示唆される。先行研究において、キイロシヨウジョウバエの drosomycin 遺伝子領域の発現制御には、転写因子のうち特に NF- κ B が感染や怪我による drosomycin 遺伝子の発現誘導に重要であることが示唆されている（Deng, Xiao-Juan, et al. 2009）。種内で *Dro4* 上流の NF- κ B の有無に多様性があることから、種内で *Dro4* の発現量にも多様性があることが推測される（図 10）。さらに、*Dro5* はキイロシヨウジョウバエ種群 9 種全てで保存されていること（落合 修士論文 2012）、本研究で上流のコアプロモーター領域や転写因子結合配列に変異が見られなかったことから、発現やそのパターンは重要であることが予測され、生存や環境適応に重要な役割を果たしていることが考えられる。

これらのことから *Dro3-3* と *Dro5* は機能の保存性が高いが *Dro3-1*、*Dro4* は発現パターンの多様性、*Dro3-2* はコード領域の多様性があり、drosomycin 遺

伝子は遺伝子ごとに進化パターンが異なることが分かった。

挿入・欠失の原因

挿入・欠失の頻度と G+C 含量との比較から、10 bp 以上の挿入・欠失の切断点がある分画の G+C 含量は、Dro2-5 の非コード領域全体の G+C 含量に比べて有意に低いことが認められた。このことから、10 bp 以上の長さの挿入・欠失が起こる DNA 配列は G+C 含量が低いことがわかった。すなわち、大きな挿入・欠失に対する G+C 含量の影響が示唆された。*D. melanogaster* のゲノム中のイントロンの G+C 含量は 39%である (Hegar et al. 2007)。しかし、*D. melanogaster* の Dro2-5 非コード領域における G+C 含量はイントロンの G+C 含量よりも低く 32.7%であった。同様に *D. simurans*、*D. yakuba*、*D. sechellia* でもイントロンの G+C 含量よりも Dro2-5 非コード領域における G+C 含量の方が低かった (表 4)。Dro2-5 非コード領域の G+C 含量がゲノム中のイントロンの G+C 含量よりも低いことにより、他のゲノム領域よりも挿入・欠失が起きやすい可能性が考えられる。

また、切断点と Dro2-5 非コード領域の 2 塩基配列頻度の比較から、10 bp 未満の比較的短い挿入・欠失は TC または GA の間に多く起こることがわかった。また、10 bp 以上の比較的長い挿入・欠失は AG または CT の間に多く起こることがわかった。このことは、挿入・欠失が起こりやすい塩基配列は挿入・欠失のサイズによることが示された。TC または GA、AG または CT は G+C 含量が低いという結果とは異なる。このことから、G+C 含量とは別の要因として特定の塩基配列に挿入・欠失が起こることが予測される。いずれにしろ、特定の塩基配列に挿入・欠失が起こりやすいということは、ターゲット配列に挿入・欠失する転移性因子 (Transposable element: TE) の関与が予想される。そこで、

Dro2-5 非コード領域における TE 断片の検索を行った。種間で TE 断片の検索をした結果、drosomycin 遺伝子のコピー数が多い種ほど TE 断片が多い傾向が見られた (図 17)。このことから、TE 断片がコピー数変異に影響を及ぼしていることが示唆される。さらに、Dro2-5 領域とゲノム領域を比較した結果、*D. melanogaster*、*D. takahashii*、*D. ficusphila* は Dro2-5 領域に TE 断片が多いことがわかった (図 18)。他の種と比較して *D. melanogaster* の TE 断片が多いのは、検索した TE が *D. melanogaster* で見つかったものであるため、他の種よりも多く検索されたと考えられる。*D. takahashii* は *Dro3* コピーが多く、*D. ficusphila* は Dro2-5 領域に *Dro5* しかコードされていないことがわかっている。検索された TE 断片は反復配列を含むだけではなく、配列間の相同性も高い。よって TE 断片頻度が高いと、反復配列や相同性の高い配列が多くなると考えられる。相同性の高い配列や反復配列が多いと不等交叉が起こりやすいため、遺伝子の重複も起こりやすい (Kazazian, Haig H. 2004)。すなわち、drosomycin 遺伝子コピー数が多い種で TE 断片が多いことは、遺伝子重複が起こりやすいためコピー数が多くなったと考えられる。よって TE 断片がコピー数の変異に影響を及ぼしている可能性が結論付けられる。

結論

本研究の結果から、*droso*mycin 遺伝子群におけるコピー数変異や非コード領域における挿入・欠失は、低い G+C 含量、転移性因子のターゲット配列に起因すると考えられる TC または GA 配列の頻度、反復配列や相同配列による不等交叉が原因であることが考えられた。また、種内で *Dro3-1* の有無に多様性が見られたことから、*Dro3* は種間で見られたようにコピー数変異が起こりやすいことが示唆された。

今後の展望

種内で *Dro3-1* の有無に多様性があること、*Dro3-2* には機能を失ったと予想される変異があることから、*Dro3-1* と *Dro3-2* は機能的に重要度が低く、変異を許容できる遺伝子であると推測される。一方、*Dro3-3* は制御領域も含めて保存性が高く、*Dro3* コピーの中でも環境適応や生存に重要な機能を持っていることが予測された。*Dro3-1* を欠失している短型配列では、*Dro3-2* の上流領域も欠失し、*Dro3-1* の上流領域が直接 *Dro3-1* のコード領域に続いているため、*Dro3-2* の発現パターンは他の配列型の *Dro3-1* の発現パターンになっていることが推測され、異なる発現パターンを獲得することによって種内での微生物耐性の差異が生じている可能性も考えられる。また種内で *Dro4* 上流の NF- κ B の有無に多様性があることから微生物環境耐性に大きく影響していることが示唆される。これらの可能性を検証するためには、種内における *Dro3* コピーの発現量を調べ、また微生物耐性を調べる必要がある。それによってショウジョウバエの環境適応における drosomycin 遺伝子群のコピー数変異の影響が明らかにできると期待される。

研究倫理

遺伝子組換え実験は首都大学東京の研究倫理委員会の承認を得て実施した。承認番号は 26-13、27-12 である。

利益相反

該当しない。

謝辞

本研究を行うにあたり、懇切丁寧にご指導をいただいた田村浩一郎教授に厚く感謝を申し上げます。また、本研究を多岐に渡り支えてくださった高橋文准教授をはじめとする進化遺伝学研究室の皆様にも深謝いたします。

参考文献

- Baylor College of Medicine. (PRJNA62321) *Drosophila takahashii* genome sequencing project.
- Baylor College of Medicine. (PRJNA62317) *Drosophila ficusphila* genome sequencing project.
- Cerenius, L., Lee, B.L., Soderhall, K. (2008) The proPO-system: pros and cons for its role in invertebrate immunity. Trends Immunol. 29:263–271.
- Deng, X. J., Yang, W. Y., Huang, Y. D., Cao, Y., Wen, S. Y., & Xu, P. (2009) Gene expression divergence and evolutionary analysis of the *droso mycin* gene family in *Drosophila melanogaster*. J. Biomed. Biotech. Article ID 315423.
- Drosophila 12 Genomes Consortium (2007) Evolution of genes and genomes on the *Drosophila* phylogeny. Nature 450:203-218.
- Edgar, R. C. (2004) MUSCLE: multiple sequence alignment with high accuracy and high throughput. Nucleic acids research, 32:1792-1797.
- Hetru C, Hoffmann J-A, (2009) NF- κ B in the immune response of *Drosophila*. Cold Spring Harb. Perspect. Biol. 1, a000232.

Kazazian, Haig H. (2004) Mobile elements: drivers of genome evolution. Science 303:1626-1632.

小山あずさ. (2010) キイロショウジョウバエ種群における抗菌ペプチド遺伝子 Dro2、Dro3、Dro4、Dro5 の分子進化. 首都大学東京 修士論文.

Lemaitre B, Hoffmann J. (2007) The host defense of *Drosophila melanogaster*. The Annual Review of Immunology 25:697-743.

宮下孝幸. (2015) キイロショウジョウバエ種群における抗菌ペプチド遺伝子 Dro3 の発現パターンの進化. 首都大学東京 修士論文.

落合広明. (2012) キイロショウジョウバエ種群における抗菌ペプチド Drosomycin 遺伝子群の分子進化. 首都大学東京 修士論文.

Reese, M. G. (2001) Application of a time-delay neural network to promoter annotation in the *Drosophila melanogaster* genome. Computers & chemistry, 26-1:51-56.

Schmid MR, Anderl I, Vesala L, Vanha-aho L-M, Deng X-J, et al. (2014) Control of *Drosophila* Blood Cell Activation via Toll Signaling in the Fat Body. PLoS ONE 9-8:e102568.

Tamura K, Stecher G, Peterson D, Filipowski A, and Kumar S. (2013) MEGA6: Molecular Evolutionary Genetics Analysis Version 6.0. Molecular Biology and Evolution. 30:2725-2729.

The modENCODE Project. (PRJNA67709) *Drosophila eugracilis* genome sequencing.

Thompson, J. D., Higgins, D. G., & Gibson, T. J. (1994) CLUSTAL W: improving the sensitivity of progressive multiple sequence alignment through sequence weighting, position-specific gap penalties and weight matrix choice. *Nucleic acids research*, 22-22:4673-4680.

Tian C, Gao B, Rodriguez Mdel C, Lanz-Mendoza H, Ma B, Zhu S. (2008) Gene expression, antiparasitic activity, and functional evolution of the *drosomycin* family. *Molecular Immunology* 45:3909-3916.

Yakovchuk, P., Protozanova, E., & Frank-Kamenetskii, M. D. (2006) Base-stacking and base-pairing contributions into thermal stability of the DNA double helix. *Nucleic acids research* 34(2):564-574.

Yang W-Y, Wen S-Y, Huang Y-D, Ye M-Q, Deng X-J, Han D, Xia Q-Y, Cao Y. (2006) Functional divergence of six isoforms of antifungal peptide Drosomycin in *Drosophila melanogaster*. *Gene* 379:26-32.

表 1 *Drosophila melanogaster* の抗菌ペプチド

抗菌ペプチド	遺伝子数	体液中濃度 (μM)
Drosomycin	7	100
Drosocin	1	40
Cecropin	4	20
Metchnikowin	1	10
Defensin	1	1
Diptericin	2	1
Attacin	4	?

(Lemaitre and Hoffmann 2007 より)

表 2 PCR に用いたプライマーセットおよび PCR 条件

増幅領域	Primer 名	配列	Tm	向き	Annealing	Extension
2nd PCR①	2ndF	GATAAGTGAGCCCAACCAAC	60.9	F	68 °C	4.5 min
	lut-7R	CGAGGACAACAAACAGGC	61.9	R		
2nd PCR②	lut-7F	CGAGTGCACTCAACCTACTG	61.1	F	68 °C	4.5 min
	2ndR	GCCTAGTTCAAACACCTCG	59.9	R		
3rd PCR①	lut-5F	GGTACACAAGTTGAGCAATCC	61	F	63 °C	1.5 min
	lut-10R	GGTCAAAACAGCCAGGAAGG	65.7	R		
3rd PCR②	lut-5.5F	CCTTCCGATCGTTCCTATGGCA	70	F	68 °C	1.5 min
	lut-10R	GGTCAAAACAGCCAGGAAGG	65.7	R		
3rd PCR③	lut-5F	GGTACACAAGTTGAGCAATCC	61	F	64 °C	1.5 min
	lut-12R	CCTGGCAATCGTGGTGAAATC	68.6	R		
3rd PCR④	lut-5.8F	GCGTGTGATAACGAGTTTCTGA	64	F	64 °C	1 min
	lut-9R	TTCTCTCCACTCCAAGCCAT	63.7	R		
3rd PCR⑤	lut-7F	CGAGTGCACTCAACCTACTG	61.1	F	60 °C	1 min
	lut-8R	CTTAGCAAAACAGGAAACAGTC	59.4	R		
3rd PCR⑥	lut-8F	GAAACCTACGATACAAATAAGAG	55.4	F	58 °C	1 min
	lut-7R	CGAGGACAACAAACAGGC	61.9	R		
3rd PCR⑦	lut-10F	CCTATCAGCCTTTCATTATTATT	59.8	F	59 °C	1.5 min
	lut-3.5R	CAGAACTTACTATGAGCGGC	59.1	R		
3rd PCR⑧	lut-4RF	CGTGATAGTATGAACCTGTATCACC	62.2	F	61 °C	1 min
	lut-2R	GCAGACCACAAATGATAAGAAT	59.5	R		

表3 シーケンス用プライマー

Template DNA	Primer 名	配列	Tm	向き
2nd PCR①	all-4F	GTAAATAAACGCCAAACATAATCAG	61.2	F
	lut-4FR	GGATTGCTCAACTTGTGTACC	61	R
	lut-5F	GGTACACAAGTTGAGCAATCC	61	F
3rd PCR①	lut-5.5F	CCTTCCGATCGTTCCTATGGCA	70	F
3rd PCR②	lut-5.6F	GGGAGCTATAGGATATAGTTGACCG	63.6	F
3rd PCR③	lut-12R	CCTGGCAATCGTGGTGAAATC	68.6	R
	lut-13R	CACACGCTTTATCGTTTTTCCTGCC	71.3	R
	lut-10R	GGTCAAAACAGCCAGGAAGG	65.7	R
	lut-5.8F	GCGTGTGATAACGAGTTTCTGA	64	F
3rd PCR④	lut-6F	GCTATCGAGACCTAACGCC	61.3	F
	lut-9R	TTCTCTCCACTCCAAGCCAT	63.7	R
3rd PCR⑤	lut-7F	CGAGTGCACCTCAACCTACTG	61.1	F
	lut-8R	CTTAGCAAAACAGGAAACAGTC	59.4	R
3rd PCR⑥	lut-8F	GAAACCTACGATACAAATAAGAG	55.4	F
	lut-7R	CGAGGACAACAAACAGGC	61.9	R
	lut-10F	CCTATCAGCCTTTCATTATTATT	59.8	F
3rd PCR⑦	lut-11F	GAAAGAGTGGGGGGATGTC	63.3	F
	lut-3.5R	CAGAACTTACTATGAGCGGC	59.1	R
3rd PCR⑧	lut-4RF	CGTGATAGTATGAACCTGTATCACC	62.2	F
	lut-2R	GCAGACCACAAATGATAAGAAT	59.5	R
サブクローニング	M13 F20	GTTGTAAACGACGGCCACT	63.7	F
	M13 Rv	GGATAACAATTTTCACACAGG	56.8	R

表 4 ゲノムイントロンの G+C 含量と Dro2-5 非コード領域の G+C 含量

種	ゲノム G+C 含量	Dro2-5 G+C 含量
<i>D. melanogaster</i>	39.0 %	32.7 %
<i>D. simulans</i>	39.6 %	34.7 %
<i>D. yakuba</i>	39.5 %	32.7 %
<i>D. sechellia</i>	39.6 %	34.9 %

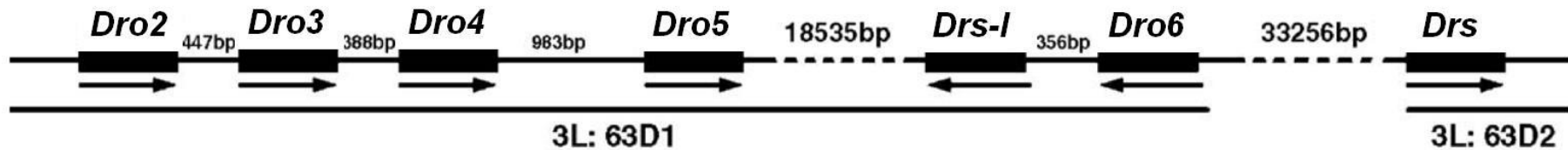


図1 *Drosophila melanogaster* の drosomycin 遺伝子のゲノム上の配置 (Yang et al. 2006 より)

D. melanogaster では Drosomycin をコードする 7 遺伝子は全て第 3 染色体上にある。その中で *Dro2*、*Dro3*、*Dro4*、*Dro5* の 4 遺伝子は 3 kb 以内と比較的近い位置に局在している。そして *Dro5* の下流約 18 kb の位置には *Dro-I* と *Dro6* があり、*Dro6* のさらに下流約 33 kb には *Drs* がある。それぞれの遺伝子のコード領域は 210 bp から 219 bp である。また、*Dro-I*、*Dro6* は転写方向が他の遺伝子と異なる。

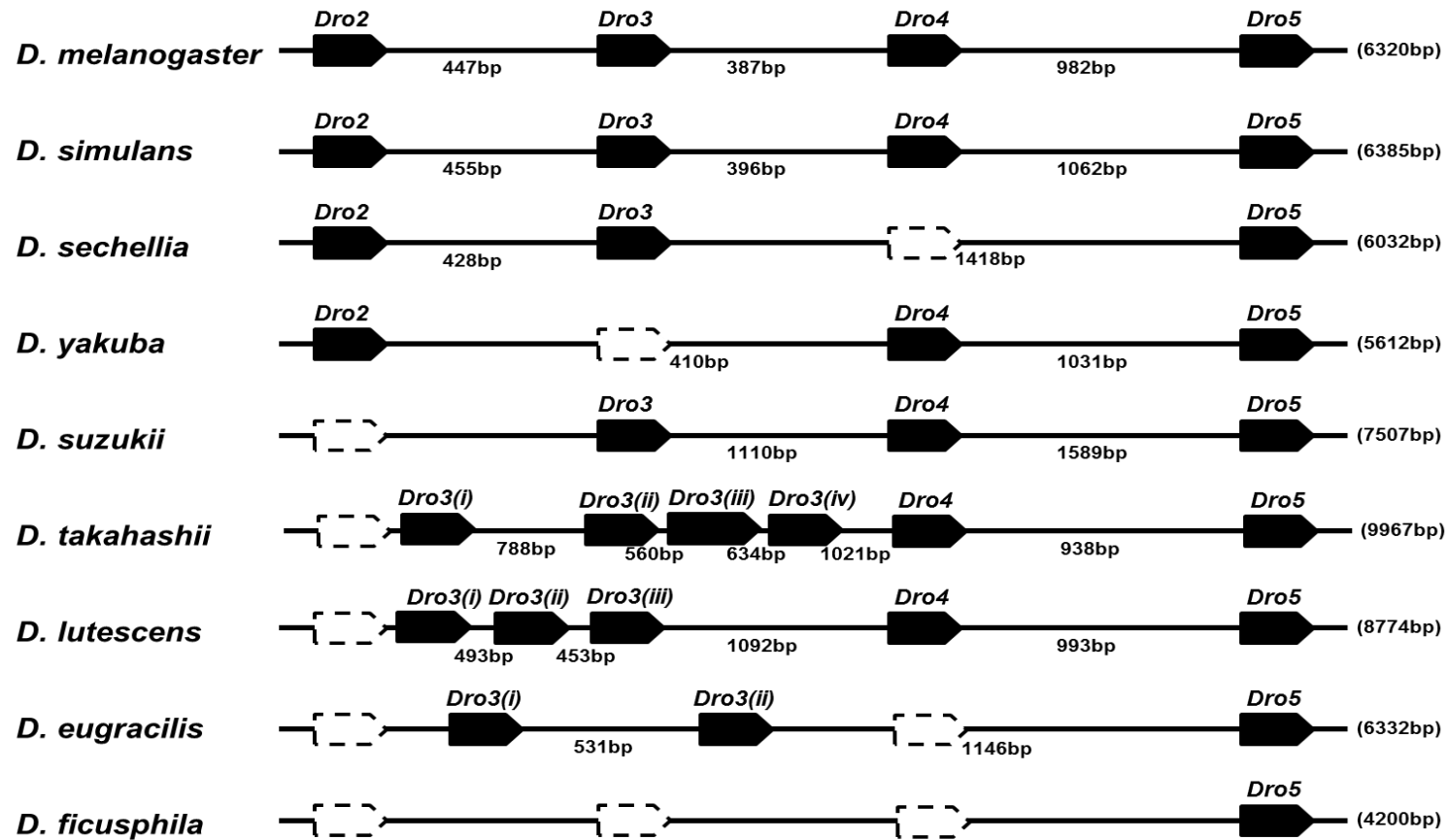


図2 キイロショウジョウバエ種群に属する9種における *Dro2*、*Dro3*、*Dro4*、*Dro5* の構成 (落合 修士論文 2012 より)

drosomycin 遺伝子群の構成の模式図。■は drosomycin 遺伝子、[] は他種にある drosomycin 遺伝子が存在しないことを示す。*Dro3*

(i) : *Dro3-1*, *Dro3* (ii) : *Dro3-2*, *Dro3* (iii) : *Dro3-3*, *Dro3* (iv) : *Dro3-4*.

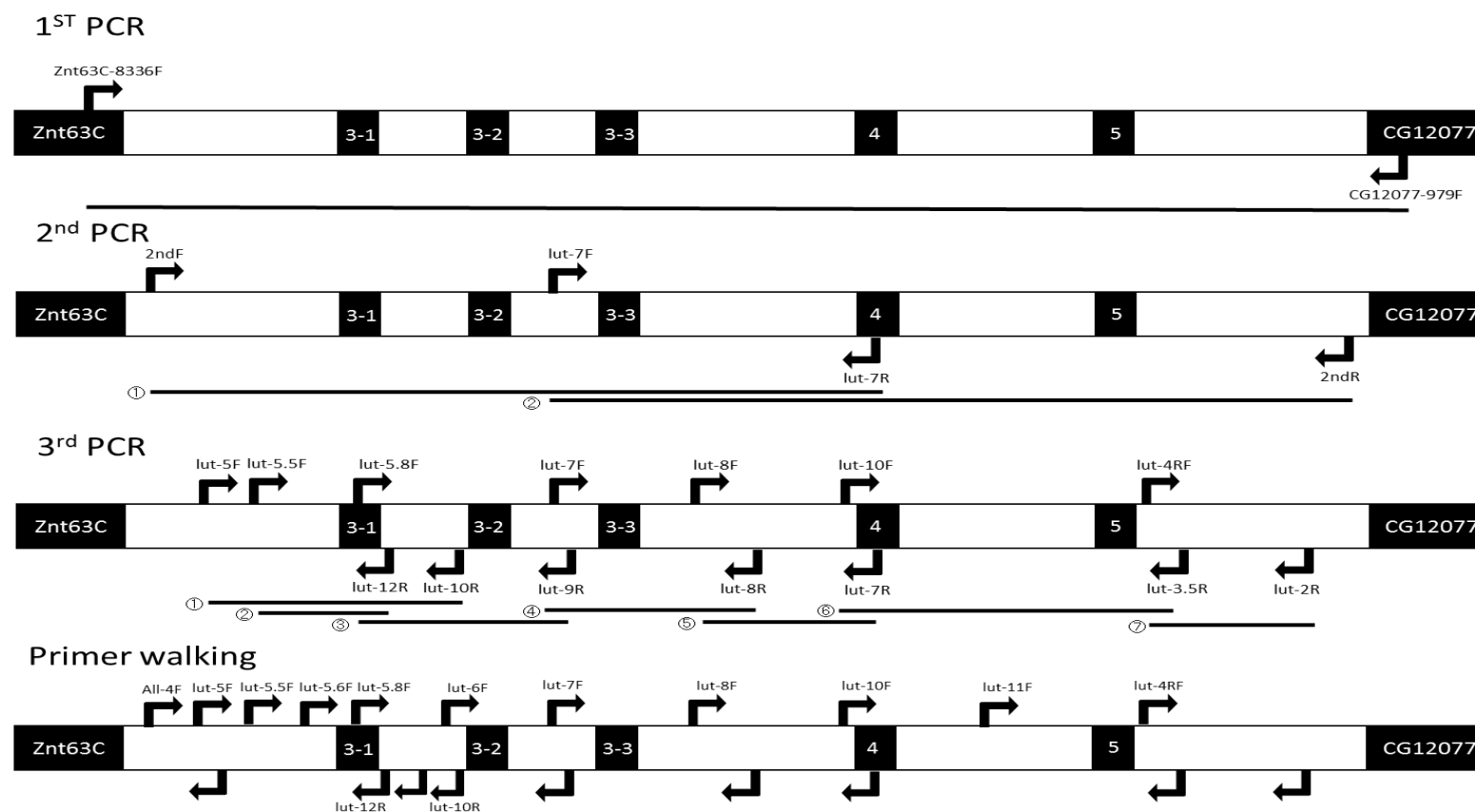
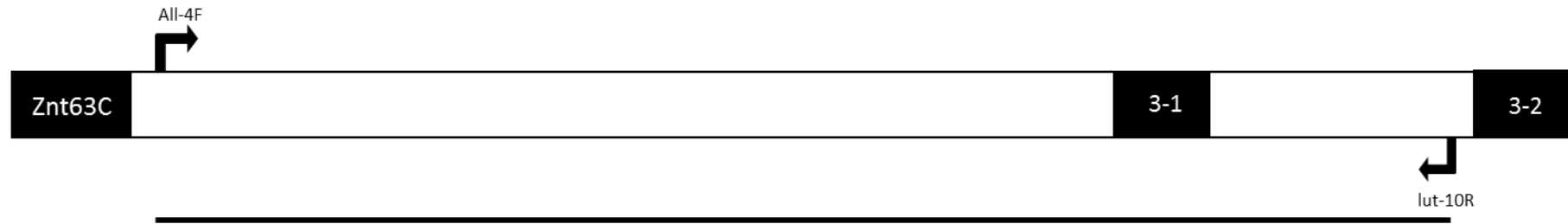


図 3 PCR primer の位置および PCR 産物

Dro2-5 領域の模式図。矢印でプライマー位置および方向を示す。黒い■はコード領域を示す。①~⑦および線は表 2 のプライマーセットおよび PCR 産物の長さを示す。

Cloning 領域 (長型)



Sub cloning領域



図 4 クローニング領域およびサブクローニング産物

クローニングした領域の模式図。矢印でプライマーの位置および方向を示す。黒い■はコード領域を示す。線はサブクローニングによって適切長さになった DNA 断片を示す。

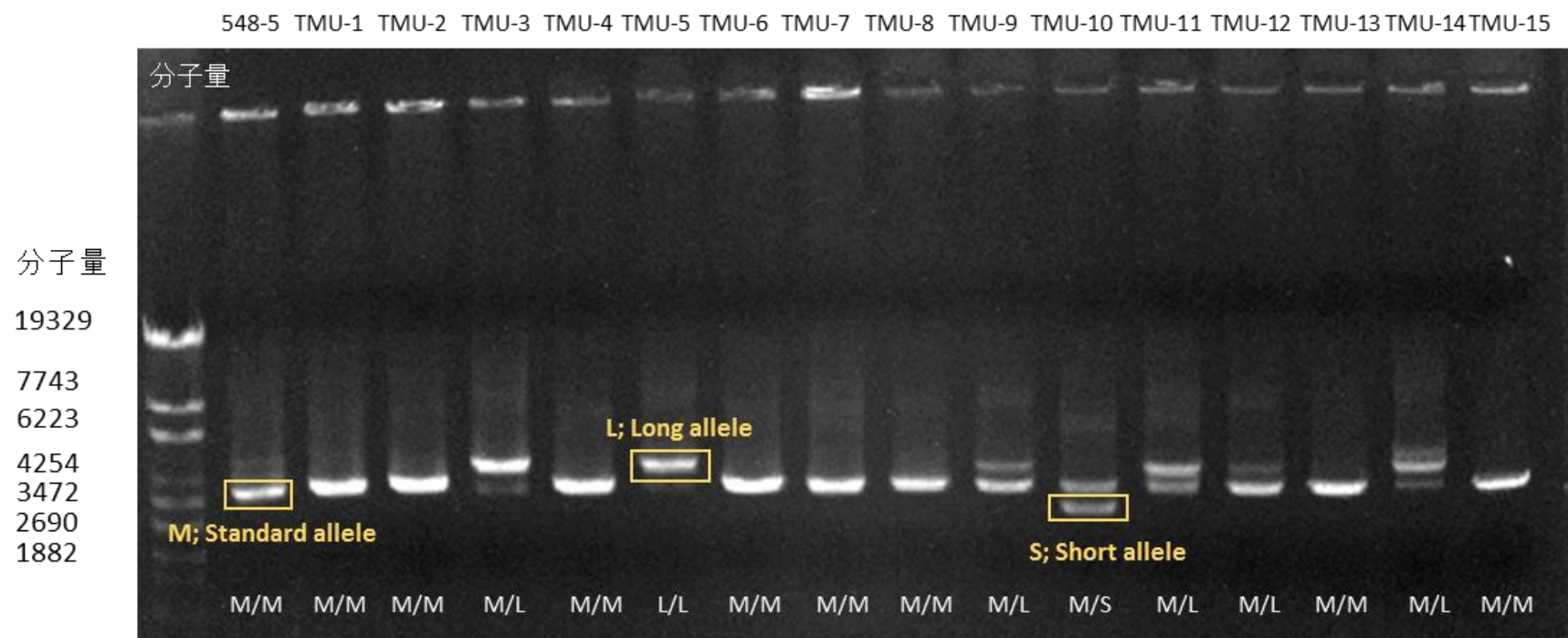


図 5 *D. lutescens* 種内における 3 種類の配列長の型

D. lutescens 各系統における *Dro3-1* 上流から *Dro4* の間の領域の PCR 増幅産物をアガロースゲル電気泳動によって調べた結果。1 番左のレーンは分子量マーカー。系統名を上を示す。対立遺伝子型を下に示す (M : 標準型、L : 長型、S : 短型)。

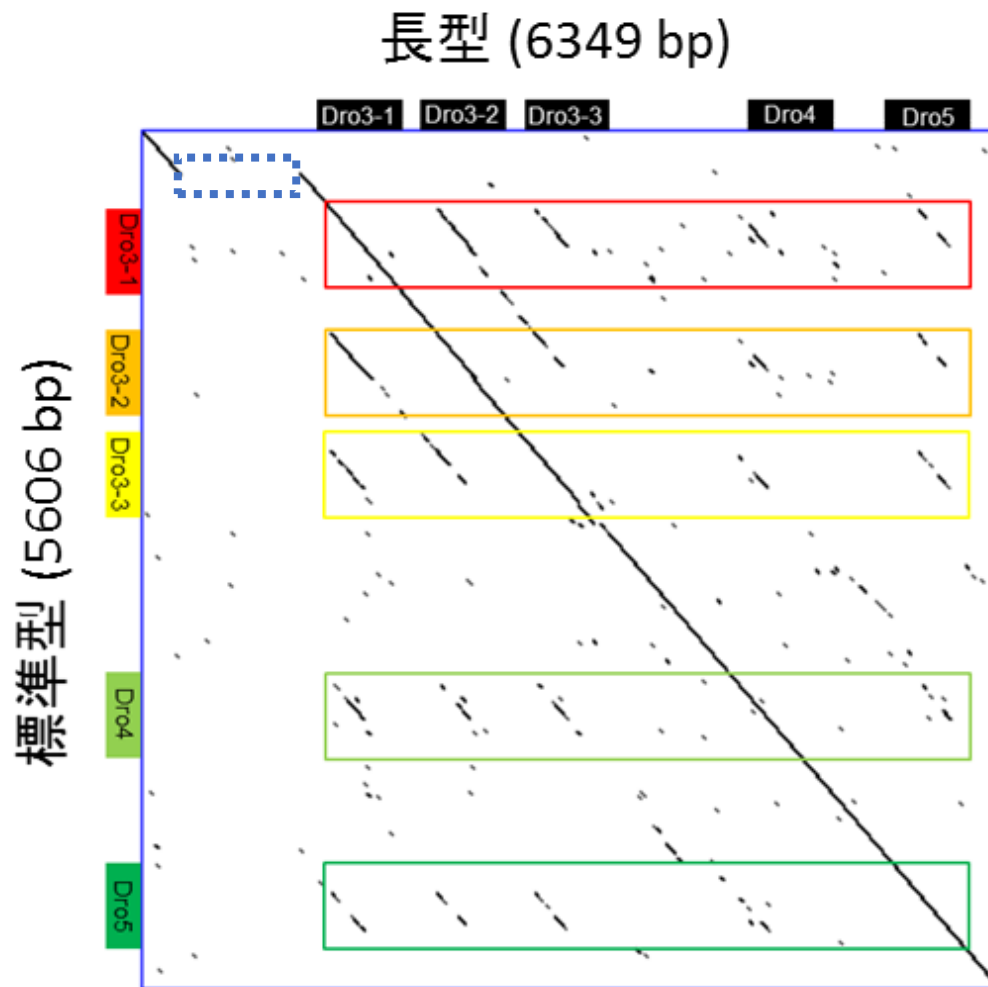



図 6-1 Dro2-5 領域における標準型（縦軸）と長型（横軸）のドットプロット

1 ドットは 19 bp 中 15 bp 以上の相同性を示す。標準型の配列には 548-5（付図 2）、長型の配列には TMU-5（付図 10）を用いた。長型の配列中に標準型と同数の drosomycin 遺伝子があった。  で囲んだ *Dro3-1* 上流に非コード領域の挿入・欠失部位がある。

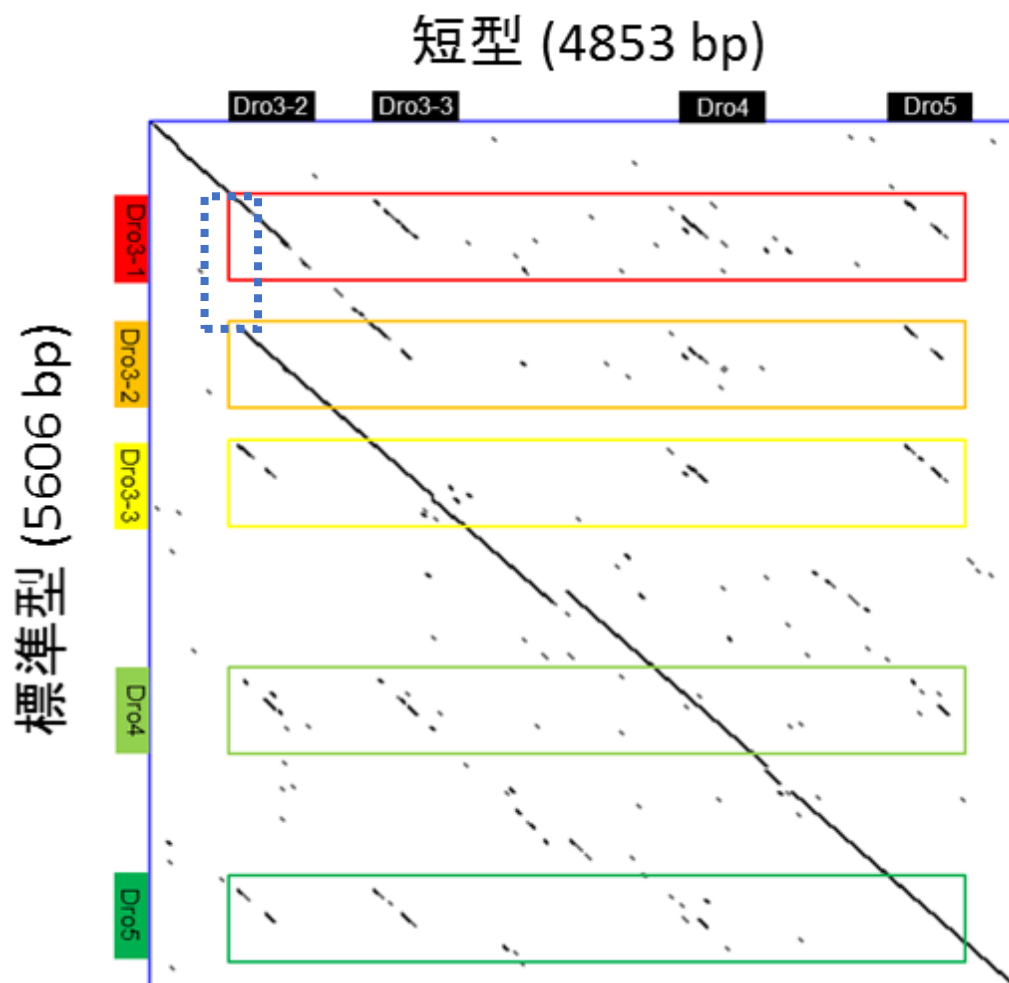



図 6-2 Dro2-5 領域における標準型（縦軸）と短型（横軸）のドットプロット

1 ドットは 19 bp 中 15 bp 以上の相同性を示す。標準型の配列には 548-5（付図 2）、短型の配列には TMU-5（付図 11）を用いた。標準型と比較して、短型の配列中の *droso*mycin 遺伝子は 1 つ少なかった。で囲んだ *Dro3-1* の遺伝子領域に挿入・欠失部位がある。

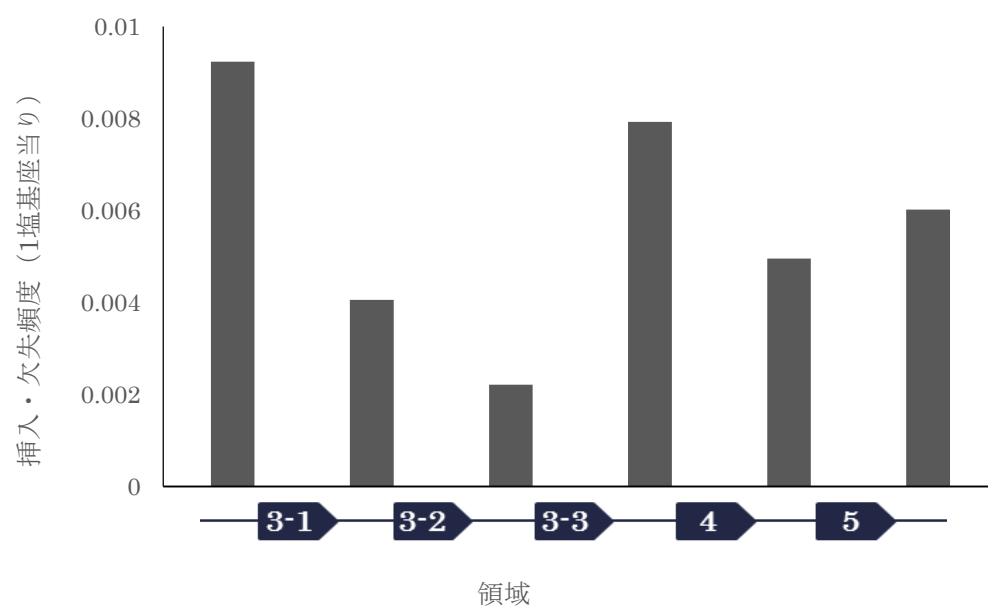


図 7 各非コード領域の 1 塩基座当りの挿入・欠失頻度

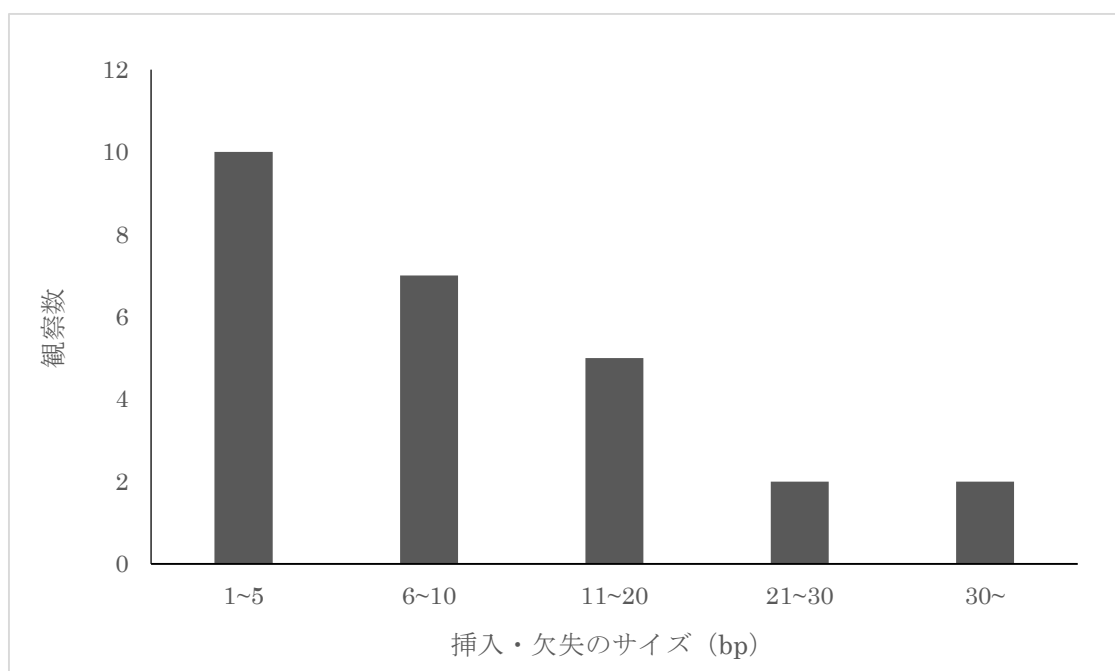


図 8 Dro2-5 領域における挿入・欠失のサイズとその観察数

Dro2-5 領域における挿入・欠失は 26 箇所あった。26 箇所のうち、1~5 bp、6~10 bp、11~20 bp、21~30 bp、30 bp 以上の区分にわけ、それぞれ観察数を調べた。挿入・欠失のサイズが大きいほど数が少ない傾向がある。

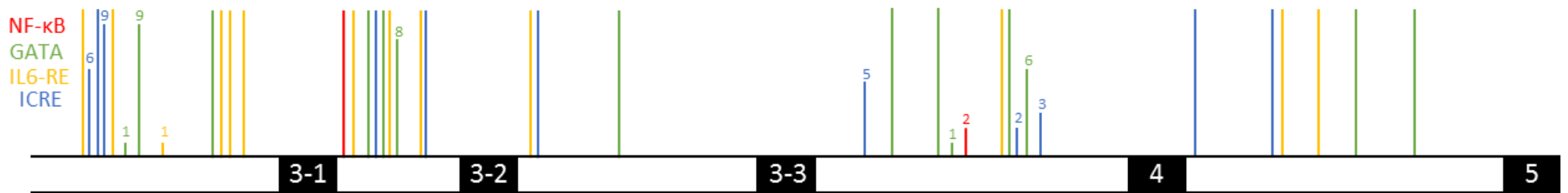


図 10 *D. lutescens* における転写因子結合部位

黒いボックスは各 *drosomycin* 遺伝子のコード領域。赤線部は NF- κ B 結合部位、緑線部は GATA 結合部位、黄線部は IL6-RE 結合部位、青線部は ICRE 結合部位を示す。各線の長さは結合部位が見つかった系統数を示し、各色線上部の数字その系統数を示す。数字が書かれていない線は全系統で見つかった。

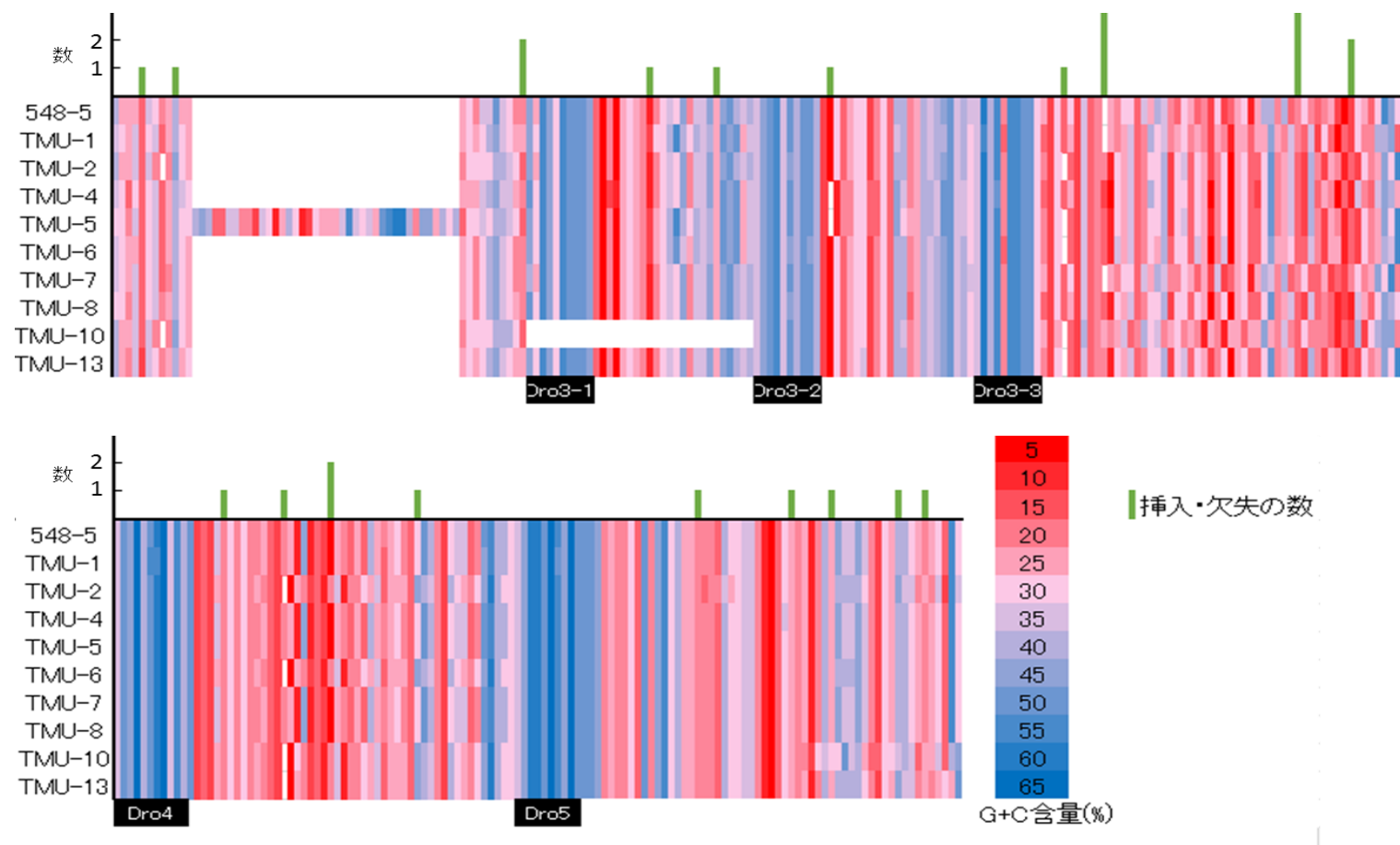


図 11 Dro2-5 領域の G+C 含量ヒートマップ

*D. lutescens*10 系統における Dro2-5 領域の G+C 含量の分布を示す。黒い Box はコード領域の範囲を示す。緑の棒グラフは 100bp あたり挿入・欠失の位置とその数を示す。G+C 含量は低くなるほど赤い色で示され、高くなるほど青い色で示されている。

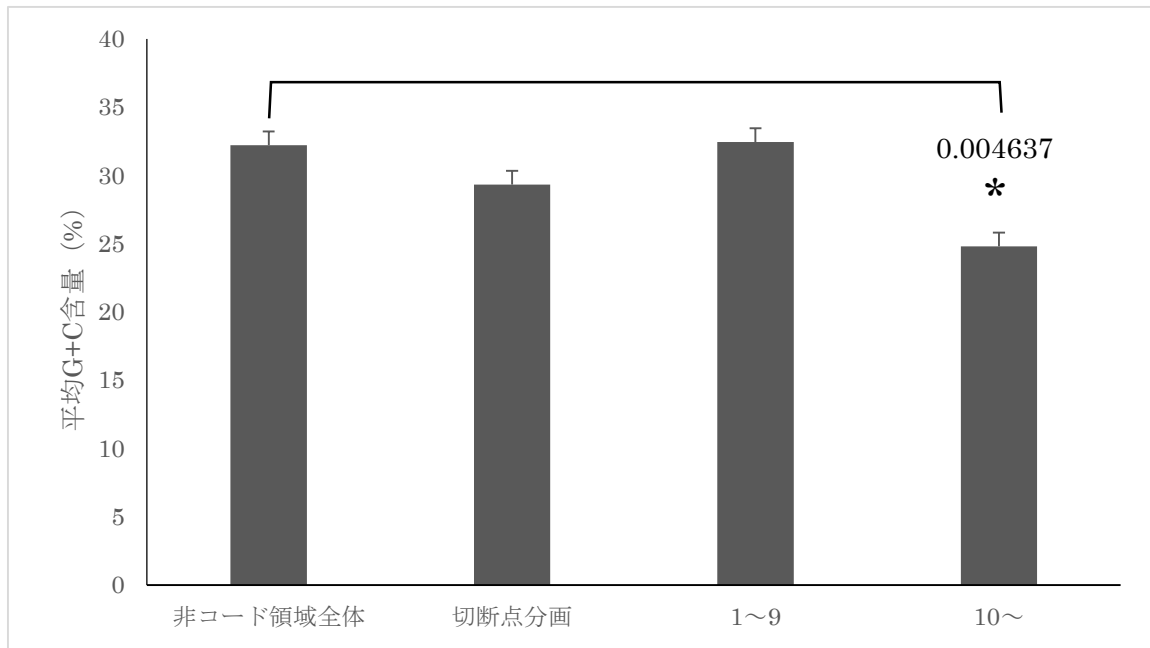


図 12 Dro2-5 非コード領域と切断点を含む分画における G+C 含量の比較

非コード領域全体は Dro2-5 領域の非コード領域の G+C 含量の平均を示す。切断点分画は Dro2-5 領域内の挿入・欠失の切断点を含む分画の G+C 含量の平均を示す。1~9 は挿入・欠失のサイズが 1~9 bp の切断点を含む分画の G+C 含量の平均を示す。10~ は挿入・欠失のサイズが 10 bp 以上の切断点を含む分画の G+C 含量の平均を示す。エラーバーは標準誤差を示す。Dro2-5 領域の平均 G+C 含量と比較して 10~ のみ U 検定で有意差 ($P=0.004637$) が認められた。

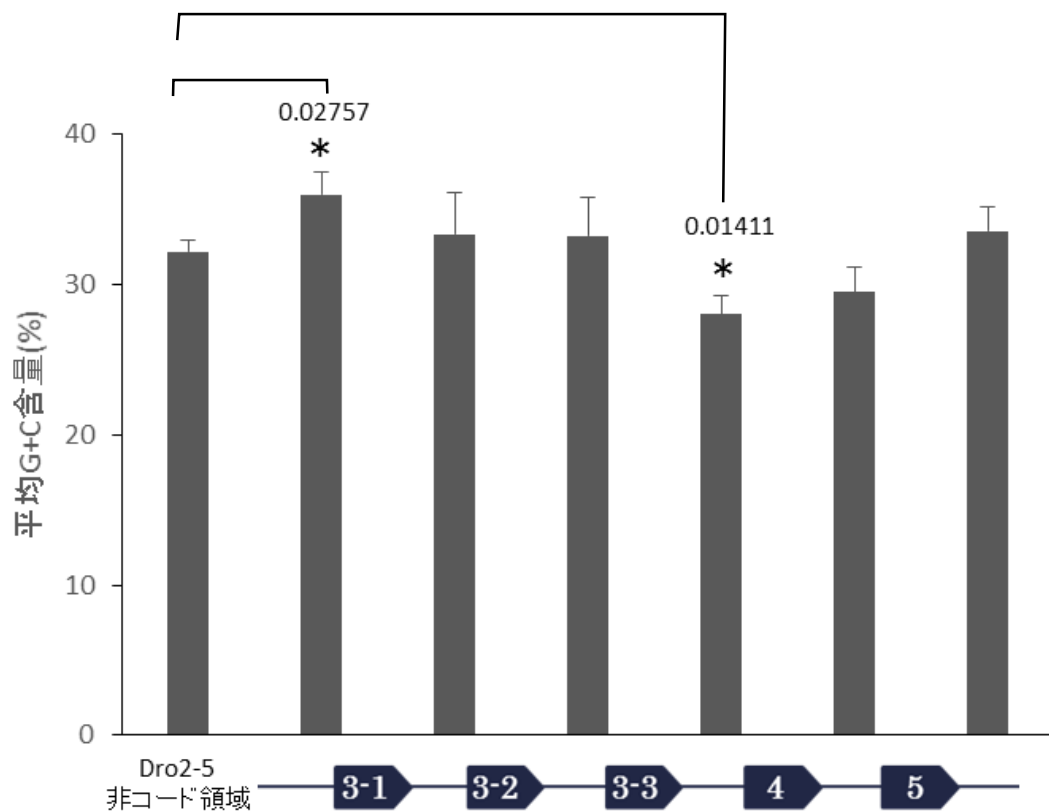


図 13 Dro2-5 非コード領域全体と各遺伝子間の非コード領域の G+C 含量の比較
縦軸は平均 G+C 含量 (%) を示し、横軸は Dro2-5 および各遺非コード領域を示す。Dro2-5 非コード領域全体の G+C 含量と各遺伝子間領域で U 検定を行ったところ、*Dro3-1* の上流 (P=0.02757) と Dro3-3 と Dro4 の遺伝子間領域 (P=0.01411) で有意差が認められた。

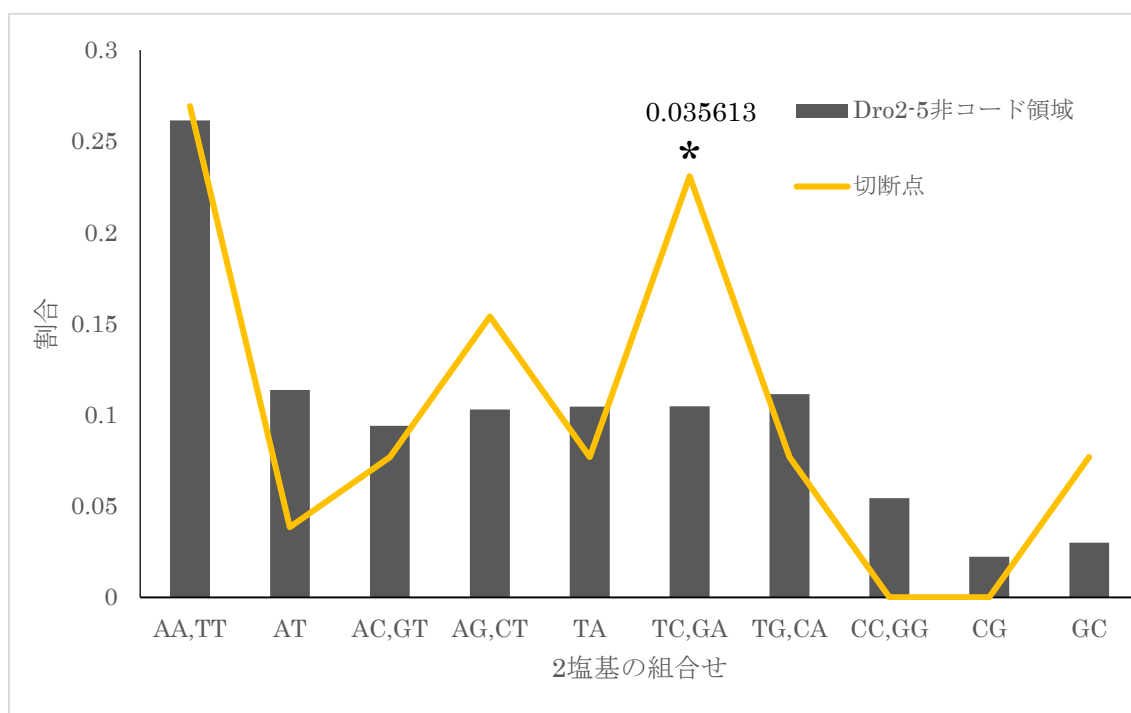


図 14 切断点両側の塩基の組合せの割合

左縦軸および棒グラフは領域全体の 2 塩基対の割合、折れ線グラフは切断点両側の塩基の組合せの割合を示す。*は X2 検定により Dro2-5 非コード領域と切断点の間に有意差が認められた ($P=0.035613$)。

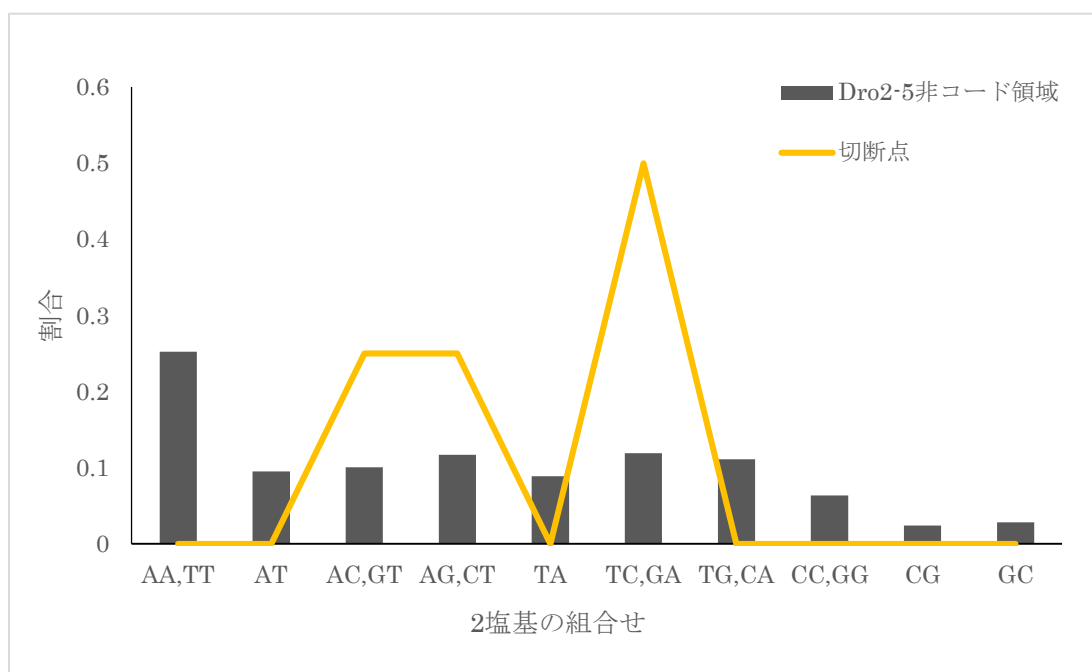


図 15-1 Dro3-0 における切断点両側の塩基の組合せの割合

棒グラフは領域全体の 2 塩基対頻度の割合、折れ線グラフは切断点両側の塩基の組合せの割合を示す。

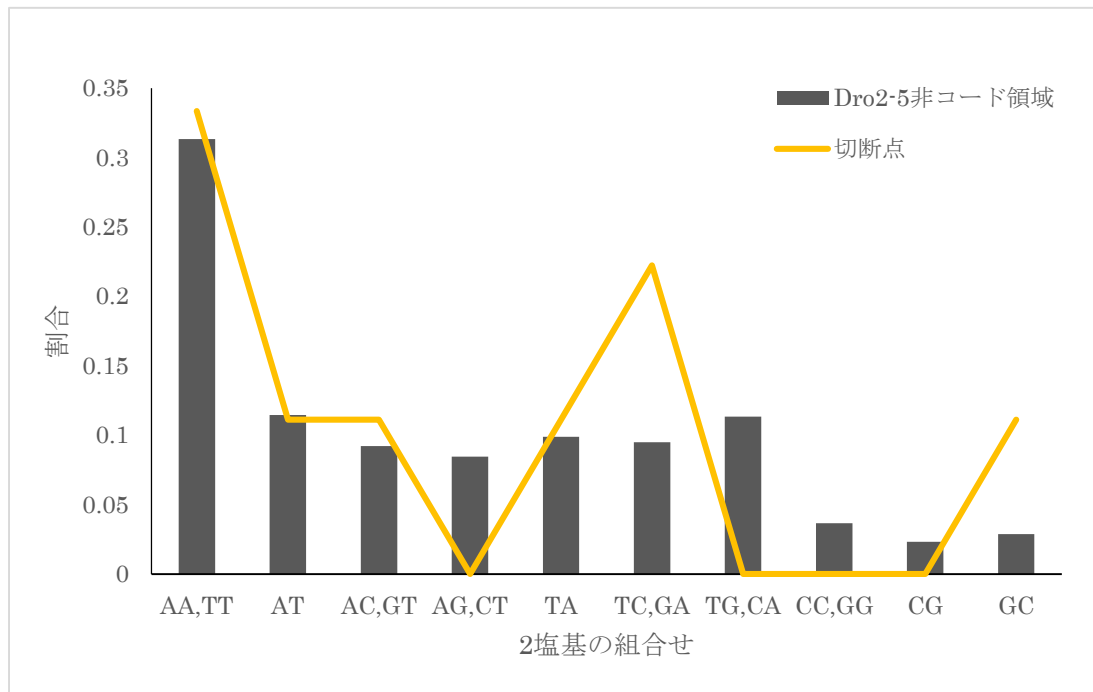


図 15-2 Dro3-3-4 非コード領域における切断点両側の塩基の組合せの割合

棒グラフは領域全体の 2 塩基対頻度の割合、折れ線グラフは切断点両側の塩基の組合せの割合を示す。

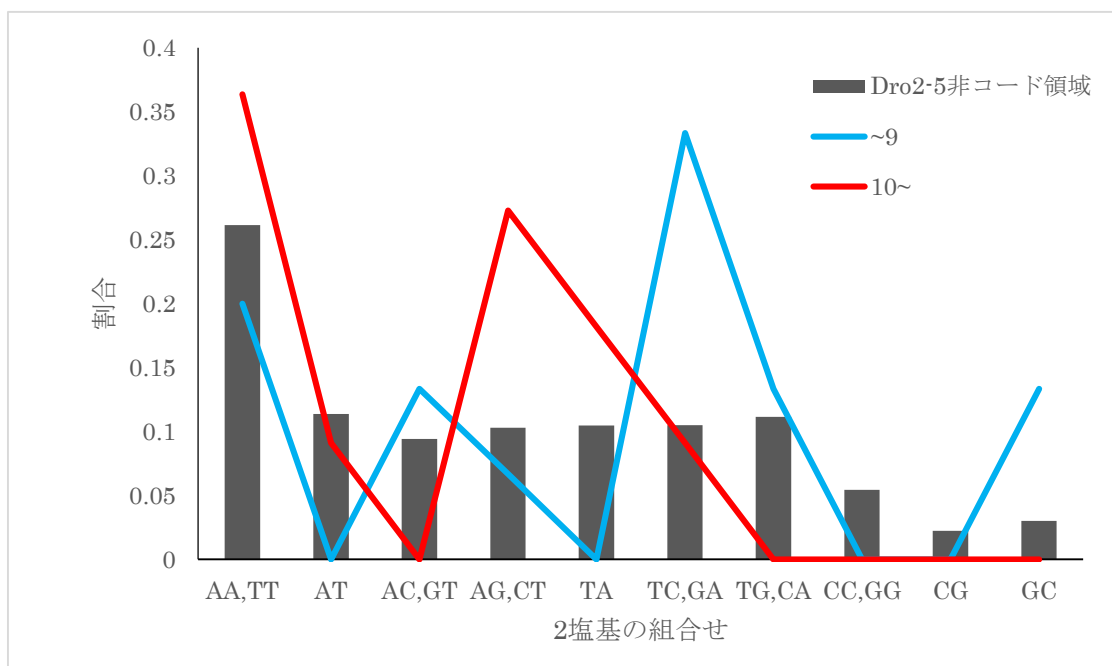


図 16 挿入・欠失サイズによる切断点の組合せの割合

左縦軸および棒グラフは領域全体の 2 塩基対の割合、折れ線グラフは挿入・欠失サイズによる切断点両側の塩基の組合せの割合を示す。青い折れ線グラフは 9 bp 以下の挿入・欠失における切断点、赤い折れ線グラフは 10 bp 以上の挿入・欠失における切断点の塩基の組合せの割合を示す。

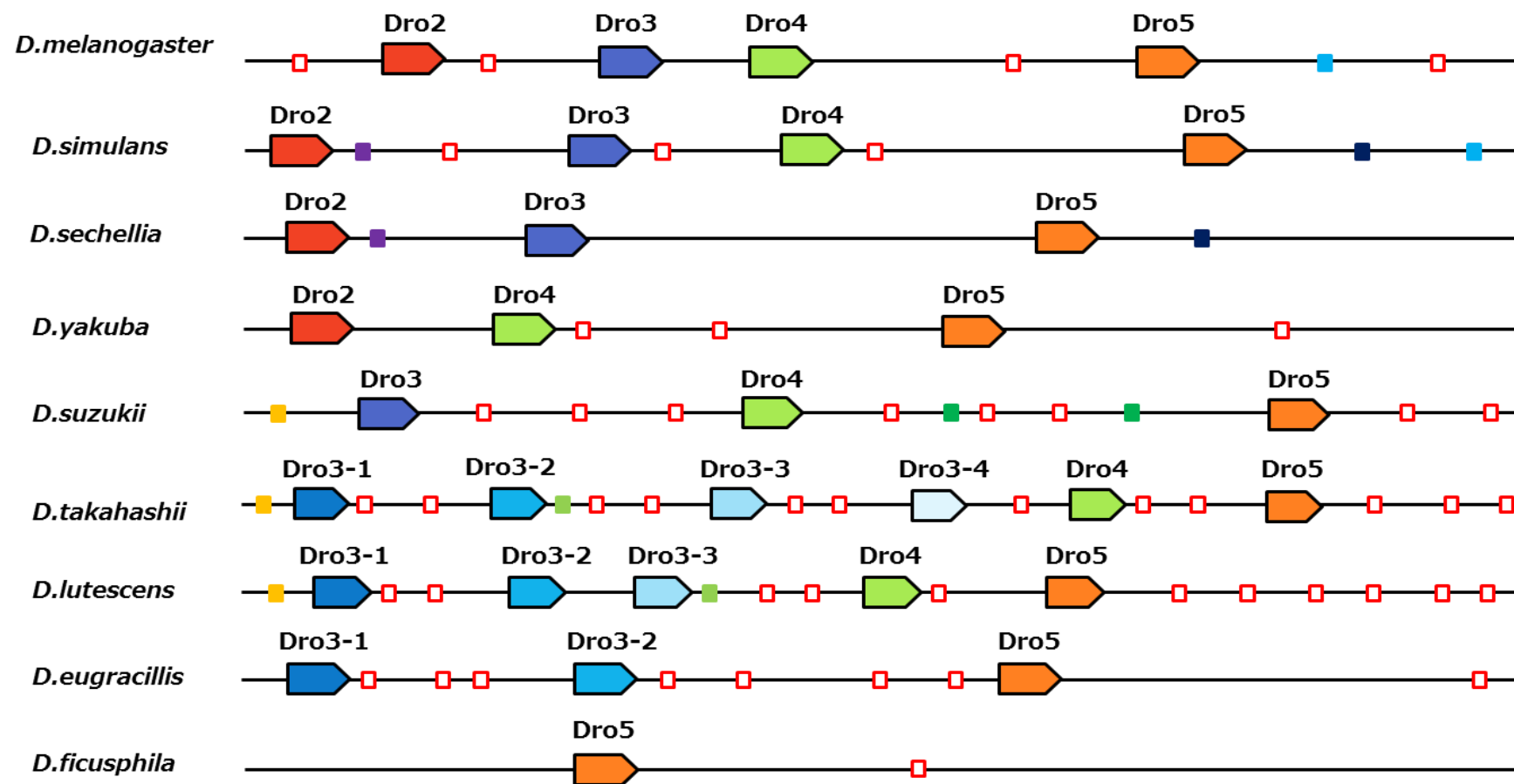


図 17 キイロショウジョウバエ種群に属する 9 種の Dro2-5 領域における TE 断片の分布

■ は drosomycin 遺伝子、□あるいは塗りつぶされた■は TE 断片を示す。同じ色の■は相同配列を示す。□はユニークな配列を示す。

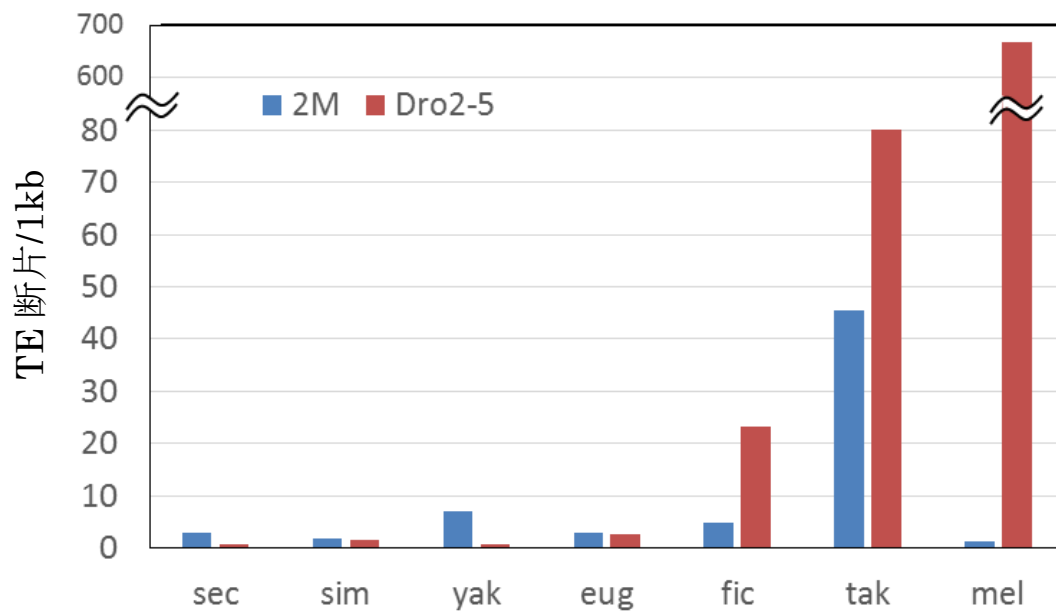


図 18 Dro2-5 領域とゲノム領域の反復配列の頻度

青い棒グラフは Dro2-5 周辺 2 Mb (5'側、3'側それぞれ 1 Mb) のゲノム領域における 1 kb あたりの TE 断片数、赤い棒グラフは Dro2-5 領域における 1 kb あたりの TE 断片数を示す。

sec: *D. sechellia*、sim: *D. simulans*、yak: *D. yakuba*、eug: *D. eugracillis*、fic: *D. ficusphila*、tak: *D. takahashii*、mel: *D. melanogaster* を示す。

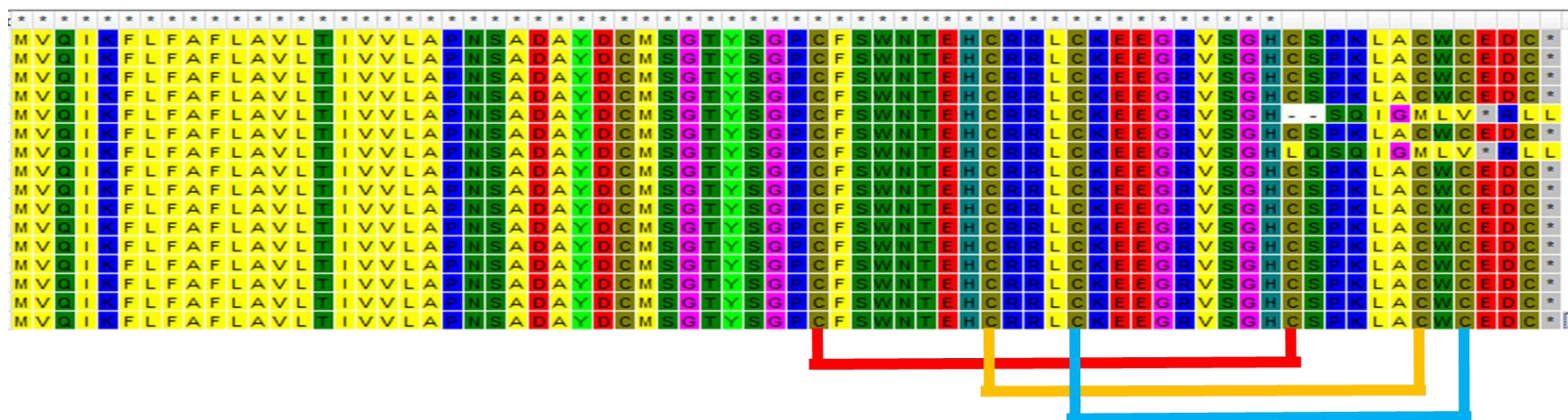


図19 *D. lutescens*における*Dro3-2*アミノ酸配列のアライメント

D. lutescens 16系統の*Dro3-2*アミノ酸配列を示す。最上行の*は全系統で保存されているアミノ酸残基を示し、線はそれぞれのジスルフィド結合を表す。

付図 1 Dro2-5 領域におけるアライメント

	1	50	100	150	200
548-5	GGGTTTTTGG-AATCTAGTGGAAACTTGGAACTTGGAAAAGTTGTCTCAATTTGGTTTTACGAAATGGTTTCAACTTAATAAAAAGAAACTGAAATTGATAAGATCTTCGCACACATTTGGGATTGAAAGAATGGTTGTTTTCGGATATAATATAAAACCTTGTTTATGAATAGTGCATGCTGATCAATCGGTACACAA				
TMU-1	GGGTTTTTGGAAATCTAGTGGAAACTTGGAACTTGGAAAAGTTGTCTCAATTTGGTTTTACGAAATGGTTTCAACTCGATAAAAAAGAACTGAAATTGATAAGATCTTCGCACACATTTGGGATTGAAAGAATGGTTGTTTTCGGATATAATATAAAACCTTGTTTATGAATAGTGCATGCTGATCAATCGGTACACAA				
TMU-2	GGGTTTTTGG-AATCTAGTGGAAACTTGGAACTTGGAAAAGTTGTCTCAATTTGGTTTTACGAAATGGTTTCAACTCGATAAAAAAGAACTGAAATTGATAAGATCTTCGCACACATTTGGGATTGAAA-----GGTATAATATAAAACCTTGTTTATGAATAGTGCATGCTGATCAATCGGTACACAA				
TMU-4	GGGTTTTTGGAAATCTAGTGGAAACTTGGAACTTGGAAAAGTTGTATCAATTTGATTTTACGAAATGGTTTCATCTTGATAAAAAAGAACTGAAATTGATAAGATCTTCGCACACATTTGGGATTGAAAGAATGGTTGTTTTCGGATATAATATAAAACCTTGTTTATGAATAGTGCATGCTGATCAATCGGTACACAA				
TMU-5	GTGTTTTTGGAAATCTAGTGGAAACTTGGAACTTGGAAAAGTTGTCTCAATTTGATTTTACGAAATGGTTTCATCTCGATAAAAAAGAACTGAAATTGATAAGATCTTCGCACACATTTGGGATTGAAAGAATGGTTGTTTTCGGATATAATATAAAACCTTGTTTATGAATAGTGCATGCTGATCAATCGGTACACAA				
TMU-6	GGGTTTTTGGAAATCTAGTGGAAACTTGGAACTTGGAAAAGTTGACACAATTTGGTTTTACGAAATGGTTTCAACTTAATAAAAAAGAACTGAAATTGATAAGATCTTCGCACACATTTGGGATTGAAAGAATGGTTGTTTTCGGATATAATATAAAACCTTGTTTATGAATAGTGCATGCTGATCAATCGGTACACAA				
TMU-7	GGGTTTTTGGAAATCTAGTGGAAACTTGGAACTTGGAAAAGTTGACACAATTTGGTTTTACGAAATGGTTTCAACTCGATAAAAAAGAACTGAAATTGATAAGATCTTCGCACACATTTGGGATTGAAAGAATGGTTGTTTTCGGATATAATATAAAACCTTGTTTATGAATAGTGCATGCTGATCAATCGGTACACAA				
TMU-8	GTGTTTTTGGAAATCTAGTGGAAACTTGGAACTTGGAAAAGTTGTCTCAATTTGATTTTACGAAATGGTTTCATCTCGATAAAAAAGAACTGAAATTGATAAGATCTTCGCACACATTTGGGATTGAAAGAATGGTTGTTTTCGGGTATAATATAAAACCTTGTTTATGAATAGTGCATGCTGATCAATCGGTACACAA				
TMU-10	GGGTTTTTGG-AATCTAGTGGAAACTTGGAACTTGGAAAAGTTGTCTCAATTTGGTTTTACGAAATGGTTTCAACTCGATAAAAAAGAACTGAAATTGATAAGATCTTCGCACACATTTGGGATTGAAA-----GGTATAATATAAAACCTTGTTTATGAATAGTGCATGCTGATCAATCGGTACACAA				
TMU-13	GGGTTTTTGG-AATCTAGTGGAAACTTGGAACTTGGTAAAGTTGTCTCAATTTGATTTTACGAAATGGTTTCAACTCGATAAAAAAGAACTGAAATTAAATAAGATCTTCGCACACATTTGGGATTGAAAGAATGGTTGTTTTCGGATATAATATAAAACCTTGTTTATGAATAGTGCATGCTGATCAATCGGTACACAA				
	201	250	300	350	200
548-5	GTTGAGCAATCCTTAAAGTATGCTGACATTAAAGAAGT-----				
TMU-1	GTTGAGCAATCCTTAAAGTATGCTGACATTAAAGAAGT-----				
TMU-2	GTTGAGCAATCCTTAAAGTATGCTGACATTAAAGAAGT-----				
TMU-4	GTTGAGCAATCCTTAAAGTGTGCTGGCATTAAAGTAGTA-----				
TMU-5	GTTGAGCAATCCTTAAAGTATGCTGGCATTAAAGTAGTAACAAGAAAGGAAGCTAGCTTCGGCCAGCCGAAGCTTATATACCCCTGCAGATCATTCCTATTAAATTTACAAATCGCAAAATGTTAAATTCCTATTATTCTCTTATTTCCTCCGATCGTTCCTATGGCAGCTATATGATATAGTAGTTCGATTTTGATA				
TMU-6	GTTGAGCAATCCTTAAAGTATGCTGACATTAAAGAAGT-----				
TMU-7	GTTGAGCAATCCTTAAAGTATGCTGACATTAAAGAAGT-----				
TMU-8	GTTGAGCAATCCTTAAAGTATGCTGACATTAAAGAAGT-----				
TMU-10	GTTGAGCAATCCTTAAAGTATGCTGACATTAAAGAAGT-----				
TMU-13	GTTGAGCAATCCTTAAAGTATGCTGGCATTAAAGTAGTA-----				
	401	450	500	550	600
548-5	-----				
TMU-1	-----				
TMU-2	-----				
TMU-4	-----				
TMU-5	AAATTAAATCGAAATTCGGAAATATTTAAAAAGAGTCATATCCCAGAGTAGAAGAGAAATACAATAAAACCAACGAGCAATAATTTATTTCCTATTATATTCCTTAATTTTCGGATCGTTCCTATGGCAGCTATATGATATAGTCGCTGATTTTGATAAAATTTTATTTCGAAATTCAGAAATAATTAATAAACTAA				
TMU-6	-----				
TMU-7	-----				
TMU-8	-----				
TMU-10	-----				
TMU-13	-----				
	601	650	700	750	800
548-5	-----				
TMU-1	-----				
TMU-2	-----				
TMU-4	-----				
TMU-5	TATTCCCAAGATTAGAAGGTAATACTTCAAAAAACACCGAAGCTAGAAATTTTTTACCGTTTTTTTTTTCGATCCTTCCTATGGGAGCTATAGGATATAGTTGACCGATCCGGTCGGTTCCGACTTATATACTACCTGCAATAGTAAGAAGACTTTTGGGAAAGTTTCATCCCGATAGCTTAATAAAGTACGAGACTAGTT				
TMU-6	-----				
TMU-7	-----				
TMU-8	-----				
TMU-10	-----				
TMU-13	-----				
	801	850	900	950	1000
548-5	-----				
TMU-1	-----				
TMU-2	-----				
TMU-4	-----				
TMU-5	TGCGTAGAAACAGGCAGACGGACAGACGGACAGACGGACAGACGGACAGACGGACAGACGGACATGGCTAGATCGACTCGACTAGTGATGCTGATCAAGAATATATATACTTTATGGGGTCGGATACGTCCTCTACTGCGTTGCAAACTTCTGACTGAAATCATATACCTCTGCAAGGGTATAA				
TMU-6	-----				
TMU-7	-----				
TMU-8	-----				
TMU-10	-----				
TMU-13	-----				

Dro5

■■■■■

560

580

[illegible]

付図2 548-5系統 標準型 (5605bp)

GGGTTTTTGGGAATCTAGTGGAAAACTTGGAACCTTGGAAGTTGTCTCAATTTGGTTTTACGAAA
TGGTTTCAACTTAATAAAAAAGAACTGAAATTGATAAGATCTTCGCACACATTTGGGATTGAAAG
AATGGTTGTTTTCGGATATAATATAAAACCTTGTTTATGAATAGTGCATGCTGATCAATCGGTACA
CAAGTTGAGCAATCCTTAAAGTATGCTGACATTAAAGAAGTAAAAATGCGTTGATATATAGGTAT
AACTCAGAATACCATGTGACATATCTTTAATCGGATATTCTCTGCTTACTTAGCTTATCTTACTCG
ATTTCAACCACGATTGCCAGGTAAATCTGGACCCTATAAAAGGCCTTCTTAGGCTGTTGCAAGTAA
TTCGAAAGTAATTACTACCTCAGAATAAAGAAAAACTTTTCGTAAGATGGTGCAGATCCAGTTCCT
GTTTTTATTCTTCGCTGTTTTCACCATCGTGGTCCTGGCTGCCAATATGGCTGATGCATCTGATTG
CATGTCTGGAAAATTCAGTGGACCCTGCTTCGCTTGGGATGGAGAACTATGCCGACGCCTCTGCA
AGGAAGAAGGACGAGTCAGTGGACATTGCAGTGTGATTGGCTTGTTGGTGTGAAGAATGTTA
AATTTATGTTATATTTTGTGCACAAAAAATAAAAAATATATATAAAATATCAGAGCAGAAATAATT
ATATTTTTCTTTTATCTACTCTACTTGGAATTTTTATAATATTGGGACATAGGACTGACTGTGTATA
ATGAAGAAATGCACCTATTGTCTAAATATCTTCATTAAATATAAAATAAATATAATTCAGTATTGCA
GATAAAGGCAGGAAAAACGATAAAGCGTGTGATAACGAGTTTCTGACCCGCTATTTTATATTTTCG
GGAAGCTTGACGATTTTCAGATAAGACTAAAGATTTGACTTCATAGTCTATTCTCCTGAAAGGCGT
ACAAAGGATGTTGAAACCCACTGTTGCAGTCAACAGTACATTAGGAAAGTATCTGAAGACCAAAG
GGGTATGCCACCTATATAAGCTCCCCCATGAGCTATCGAGACCTAACGCCTTCCATAACTCAACT
AAAGTACCAGCCTTACTGAGAATATATCCTTTACATGGTGCAGATCAAATTCCTGTTTGCCTTCCT
GGCTGTTTTGACCATCGTTGTCCTGGCACCCTAACTCGGCGGATGCATATGATTGCATGTCTGGAA
CATACTCTGGACCCTGCTTCTCTTGAATACAGAACATTGCCGACGCCTCTGCAAGGAAGAAGGA
CGAGTCAGTGGACATTGCAGTCCCAAATTGGCATGTTGGTGTGAAGATTGTTAATTTTTTTCACAA
AAATATAAGAAATATATATAAAATATTTCAGAGCAGCAAATATAAAGTCTTTTATTTTTATGTTGGG
AAAGCTCTAATAATTGTGTCTAATGAATGAGCCAATGTACTTATTTTCTATCGATCTTGCACCTAA
ATCAAATCTGATATTAACCTACTTAAGTATAAATAAACAACAAAAGACAAGGAACAATAAAATG
TAAGATGATGATCTTCAGACTCGATTTTCCGGGAAGCTTATCGTCTTCAGATAAGGATATATATTT
GCCATTATAACCTGTTCTCCTAAAAAACAAAGTCGAGTGCACCTCAACCTACTGCGTAAATTAGTC
GAAATTCAAGGGGGTATAGCACCTATATAAGCTCCCCTGCGTGCTGTGAGCCCAAACATCGTTC
ACAACCTCAAGTGAAACACCAGTCCCTTTGAGAATATATCACCTACAATGGTGCAGATCAAATTCCT
GTTTGCCCTCCTGGCCGTGATGACAAATTGTTGTCTGAGGCAACATGGCGGATGCAGACTTTC
TTTCTGGAATAATTAAAGGGAGGTTGCATGGCTTGGAGTGGAGAGAAGTGCCGTCGCCTGTGCAA
GGAAGAAGGAGGCGTCAGTGGACATTGCAGTAGCAACTTTAAATGTTGGTGCGAACAATAAAATC
GCGTATATTTCCAAACTGTAAATTGTTTTAAATAATTCCGTATATTGCATTGTGAAGAGAATAAT
AAATATGTATGTTATGAACCGCATAGTAAATGTTTTAAATTTATTTTGCTTGGTTGCGAATAATGGT
AACTCAAATTTGTAACCTCAAAAAAATCCGTATGATGTAAACGTTTTTAAAGAATTCTTAGCGCA

AAGTTTAAATGCATTTTTCTTATCGTGTAAGACAAATCGTCACTGTGAAAACAAATTAAGAACAA
ATATGTATGTAACATATCACAAAGAACGGGAAACCTACGATACAAATAAGAGGTTAACGACTCTT
TTTCCGAGAAGGCTTGATAACGATGATTTAAATTAAACTCAAGAGGTGTCAATAAAATAGATAAG
TGCTTCTGAAGAGTTGAAAATTATTGTTTTGTCTAGCTAAGAACAACGAATTCATATATTATCGGAA
CAACAATTAATTTAAAAAATTGAAGATTTTCTAATATTATGGGACTGTTTCTTGTTTTGCTAAGAT
AATTAAATTTAATTCATTATTCAAGCAATTTTAACCAGTTTCTTAGAAGTCTCGTGATAAATTGTG
CATAAACTAAATATATGAATAAATGAATTGCTTAGGTTTTCCACCATGAAGAAAAACCGGAACGG
TCGGGTTTTGTTTAAATGCATTGCTAGTATTCTATAAGAGCATCTATCTATTAGTGCCCTAAAGTAT
GCAATTTATGAAAAATACACTGCAATCAAAATTATGAAATTACTTGCGGTAGTAAAAACCTCATTA
GATGTATGATCATTTCTATATTCTTATATAAACTGACTGTAAGATAATTAACGTGATCAGTACAA
TAAATTCTGAAAAATTGTAAAAATTTAATTTAATATTTGTTTTCTTTTCAAATTATTTTTTTTCATG
TGAAAAGCCCCAAAAGTATGCTTTTCAAAAAAGTATATTGCATTTATTTGCATTTTACCATGAATG
CAAATTGCCTGGCACTGATATTCCGGGCCTATATAAACGGCGGATCGCGGTTCAAAAAACTCAAA
AGTAAACATTCTAACCAGAGAGTTTTTCTAAAAATGTGCGCTTAACAAAAGCCTGTTTGTTGTCTCTC
GCCGTGTTGGCCATCGTCCTAGTAATGGTGGCCCACGAGACTTCGGCCATTGATTGTCTCTCGGG
AAGATTCAGTGGACCTTGCTGGGCCTGGGATGGAGAGCAGTGCCGACGCCTCTGCAGGGAAGAA
AACCATGTCAGTGGACATTGCAGTGCCAGCCTGAAGTGTTGGTGCGAAGGATGCTAAGCCGAGC
AACCTTAAACGTGTTTTTATTCTTCAATATCTACACATGAATTATGTATTTTTTATTGTTCTTACAA
ATAAATACAAAATGTATATCGCGGC AAAAATGTAATTTAACTGGGAAACTGCAATATCATTCGGA
TAGGTATGTTTTTATTATCCCATGAGAAACATTACCATCTTTAACTCAAGAATTTTGATCAACTA
TTAGATCTGTTTTTCATTTTTTAACCTATCAGCCTTTCATTATTATTTTCATCAGTCAAAAATATATT
CAATATGAAAATAAATTTGAACGACTCAAGAAAAATGTTGAGCAACAAGAATTAATTTTTTACTTAA
TTGACTTAAACGTACGATAGCCGAGATTTATTTAAGTTATATTGGAAATATGACATAAAATATGGTA
TTTTATTTATTGAATTTGATTTAAAAAAAATAAAATTTCTATATTATTGGAAGGACACTTCCTTTTAA
TTACTATGAATTTATTATTATGGGCAATAAATCATTTGTATTAATCCGCATTTTGCAAGTTTAGTTT
ATGAGACTTGTTCTGGTTTTCTTATAGTTAACATGACAGTGCTACTATTGAATCTATTTTCATATT
CAAACAGTTTCAACCTGTTTACTAATAGTCTCGTGATAAAATAAATAAGTCACAGTGCATAAATTTA
GCATATGATTTCAATGCAAGTAGAGAAAGAGTGGGGGGATGTCACCATAAACAGAAATCGAAACT
ACCGGCTTTATAGAAATGCATTCATAGTTTTTATAGTAGAATATTTATGTGTGTTCTATTCATGCC
CCAAAGTATGCTCCTTAAATCCAAGACACTGCATTAGATAATATGTTCTAGTTATTATCTGTAATT
ATCTGCTAATCAATCGACGCAGGCAGAATCGAAATTGCCGGGCAGAGAGATCCCGAACCCCTATAT
AAAGCCCAGAAGCAGTGCTCTATTTACGAGTAAAAGTAAAACCCTCTGAAAACCTGACAAGATGCA
GATCAAGTTCTGTACTTCTTCCTCGCTGTGATGACCATCTTCATCCTGGGCGCCAAGGAAGCCG
AGGCCGACTGTCTTTTCGGGCCGATATGGAGGTCCCTGTGCCGTCTGGGACAACGAGACCTGCCG
TCGTGTTTGCAAGGAGGAAGGACGATCCAGTGGACACTGCAGCCCCAGTCTGAAGTGCTGGTG
GAAGGATGCTAGTTCTCTCCACTTCGAAGGACGAAACACGCAGTCCCGAAAACCGTTGCTCGA

AATCGCAAGAAAACTACTATGTATATCTTAATTTGTAGCATTGCTTGAGAACTACAAATACACATA
TTATTGCAAAGAATTTAGACTCTATTATTCTGGGATTTTCCAATTTCTTATAATCGAAACTTGGGT
TGCCAACCTGAGACAATTGCTTTGCTAATATAAGATATTCGCACTGCTGATGGGATTTGCCCCGG
TTTTCCCTGGTTTGTTC AACCGTGATAGTATGAACCTGTATCACCTCATCATTTGTTAAGTAACCG
TCTAATAAATCTCAATCGCAAGTAACCTCAGAAAATTCAAATAACAAATTTACTTGAAATTGGTAT
TATTTACATAAAACTGCGGATTGTAAATATTAGAAATGCCGCTCATAGTAAGTTCTGATAATTTCC
ATGATTAGTGGGGGATGTACTATTTTGTTC TGAGTCTGAAGCTGTGAGAATTTGGGTTTCGAAAA
GCTACAATAAATAGTAGTGCAGTATAATAGTTTAATAAAAATTGAATTATAAACTATAATAAAATAA
AACATAATACTAATAGGTAAAAATCTAGAGGGGAAATAAGAGATTAAGAAAAACAAGACGGTTCA
TGTGAAATGCATTTTAAAGTTGGACAAATATTGACAAATATATTTAAGTAGTAATATTGATTAGGT
AACAGAAAATCGTACGCTTCAAAAGGCATTAGCTTATCGGTATTTGATATGCGCTCTTTCTCTAAA
GTCGTTATCTCTGAAGAGGACAGTGCACACTTGAGAAATTGTTGGGGTAGCTTGAAAGACACAGT
GCTGACAAATAGAACCAGATTCTTCCATACTAAACAAATTAATTCAATATATAAATGCATTGATTC
TAAGTTACGGTTGGTTTAATTGGTAAAAATTGGCTTGATTCTGGGGAAACCCTTAAAAGGGCGTGC
AGTTAATGAAGATGTCACCTCATCCATATTCCATAGGCTATTATTAAAGTAATTGTAATTGCTTGCA
TTAGATTAGATCGAATACATACAATGTATGTGT

付図3 TMU-1系統 標準型 (5596bp)

GGGTTTTTGGAAATCTAGTGGAAAACCTGGAACTTGGAAAAGTTGTCTCAATTTGGTTTTACGAA
ATGGTTTCAACTCGATAAAAAGAACTGAAATTGATAAGATCTTCGCACACATTTGGGATTGAAA
GAATGGTTGTTTTCGGATATAATATAAAACCTTGTTTTATGAATAGTGCATGCTGATCAATCGGTAC
ACAAGTTGAGCAATCCTTAAAGTATGCTGACATTAAAGAAGTAAAAATGCGTTGATATATAGGTA
TAACTCAGAATACCATGAGACATATCTTTAATCGGATACTCTCTGCTTACTTAGCTTATCTTACTC
GATTTCAACCACGATTGCCAGGTAAATCTGGACCCTATAAAAGGCCTTCTTAGGCTGTTGCAAGTA
ATTCGAAAGTAATTACTACCTCAGAATAAAGAAACCTTTTCGTAAGATGGTGCAGATCCAGTTCCT
GTTTGTATTCTTCGCTGTTTTCAACATCGTGGTCCTGGCTGCCAATATGGCTGATGCATCTGATTG
CATGTCTGGAAAATTCAGTGGACCCTGCTTCGCTTGGGATGGAGAACTATGCCGACGCCTCTGCA
AGGAAGAAGGACGAGTCAGTGGACATTGCAGTGTGATTGGCTTGTGGTGTGAAGAATGTTA
AATTTATGTTATATTTTTGTGCACAAAAAATAATAAATATATATAAATATCAGAGCAGAAATAATT
ATATTTTTCTTTTATCTACTCTACTTGGAATTTTTATAATATTGGGACATAGGACTGACTGTGTATA
ATGAAGAAATGCTCTTATTGTCTAAATATCTTCATTAAATATAAATGAATATGATACAGTACTGCA
GATAAAGGCAGGAAAAACGATAACGCGTGTGATAACGAGTTTGTGACCCGCTATTCCGGGAAGC
TTGCCGATTTTGAATAAGACTAAAGGTTTGACTTCGTAGTCTATTCTCCTGAAAGGCATACAAAG
GATGTTGAAACCCACTGTTGCAGTCAACAGTACATTAGGAAAGTATCTGAAGACCAAAGGGGTAT
GCCACCTATATAAGCTCCCCCATGAGCTATCGAGACCTAACGCCTTCCATAACTCAACTAAAGTA
CCAGCCTTACTGAGAATATATCCTTTACAATGGTGCAGATCAAATTCCTGTTTGCCTTCCTGGCTG
TTTTGACCATCGTTGTCTGCGCACCCAACTCGGCGGATGCATATGATTGCATGTCTGGAACATAC
TCTGGACCCTGCTTCTCTTGAATACAGAACATTGCCGACGCCTCTGCAAGGAAGAAGGACGAGT
CAGTGGACATTGCAGTCCCAAATTTGGCATGTTGGTGTGAAGATTGTTAATTTTTTACAAAAATAT
AAGAAATATATATAAAATATTCAGAGCAGCAAATATAAAGTCTTTTTATTTTTATGTTGGGAAAGCT
CTAATAATTGTGTCTAATGAATGAGCCAATGTACTTATTTTCTATCGATCTTGCACCTAAATCAAA
TCTGATATTAACTACTTAACTGATAATAACTAACAAACAAAAGACAAGGAACAATAAAATGTAAGAT
GATGATCTTTAGACTCGATTTTCCGGGAAGCTTATCGTCTTCAGATAAGGATATATATTTGCCATT
ATAACCTGTTCTCCTAAAAAACAAAGTCGAGTGCAGTCAACCTACTGCGTAAATTAGTCGAAATTC
AAGGGGGTATACCACCTATATAAGCTCCCCTACGAGCTGTGAGCCCAAACATCGTTCACAATC
AAGTGAACACCCAGTCCCTTTGAGAATATATCATTTACAATGGTGCAGATCAAATTCCTATTTGCC
CTCCTGGCCGTGATGACAATTGTTGTCTGGAGGCCAACATGGCGGATGCAGATTTTCTATCTGG
AAAATTTAAGGGAGGTTGCATGGCTTGGAGTGGAGAGAAGTGCCGTGCGCTGTGCAAGGAAGAA
GGAGGCGTCAGTGGACATTGCAGTAGCAACTTTAAATGTTGGTGCGAACAATAAAAAATCGCATAT
ATTTCAAACTGTAAATTGTTTTAAATAATTCCGTATATTGCATTGTGAAGAGAACTAATAAATAT
GTATGTTATTAAACCGCATAGTAAATGTTTAAATTTATTTTGGTTGTTTGCGAATGATGGTAACTCA
AATTTGTAACCTCAAAAAAAATCCGTATGATGTAAACGTTTTAAAGAATTCTTAGCGCAAAGTAA
ACTTTTAAATGCATTTTTCTTATCGTGTAAAGACAAATCGTCACTGTGAAAACAAATTAAGAACAA

ATATGTATGTAACATATCACAAAGAACGGGAAACCTACGATACAAATAAGAGGTTAACGACTCTT
TTTCCGAGAAGGCTTGATAACGATGATTTAAATTAAACTCAAGAGGTGTCAATAAAATAGATAAG
TGCTTCTGAAGAGTTGAAAATTATTGTTTTGTCAGCTAAGAACAACGAATTCATATATTATCGGTA
CAACAATTAATTTAAAAAATTGAGGATTTTCTAATATTATGGGACTGTTTCTTGTTTTGCTAAGAT
AATTAAATTTAATTCATTATTCAAGCAATTTTAACCAGTTTCTTAGAAGTCTCGTGATAAATTGTG
CATAAACTAAATAAATGAATAAATGAATTGCTTAGGTTTTCCACCATGAACAAAAACCGGAACGTG
CGGGTTCATTTAAATGCATTGCTAGTTTTCTATAAGAGCATCTATCTATTAGTGCCCTAAAGTATG
CAATTTATGAAAAATACACTGCAATCAAAATTATGAAATTACTTGCGGTAGATGGAAATGAAAAG
ATCATTTCTATATACTTATATATAGCTGACGTAATCAGTACAATAAATTCGGAAAAATTTTAAAAA
TTCAATTAATATTTGTTTTCTTTTTCAAATTCTTTTTTTTCTTTAAAAATTGTTTCATGTGAAAAGCCC
AAAAGTATGCTTTACAAAAAGTATATTGCATTTATTTGCATTTTCACCATGAATGCAAATTGCCT
GGCACTGATATTCTAGGCCTATATAAACGACGGATCGCGGTTCAAAAAACTCAAAAGTAAAAATT
CTAACCAGAGAGTTTTTCTAAAAATGTCGCTTAACAAAAGCCTGTTTGTTGTCCTCGCCGTGTTGG
CCATCGTCCTAGTAATGGTGGCCCACGAGACTTCGGCCATTGATTGTCTCTCGGGAAGATTCACT
GGACCCTGCTGGGCCTGGGATGGAGAACAGTGCCGACGCCTCTGCAGGGAAGAAAACCATGTCA
GTGGACATTGCAGTGCCAGCCTGAAGTGTTGGTGCAGGATGCTAAGCCGAGCAACCTTAAAC
GTGTTTTTATTCTTCAATATCTACACATGAATTATGTATTTTTTATTGTTCTTACAAATAAATACAA
AATGTATATCGCGCAAAAATGTAATTTAACTGGGAACTGCAATATCATTCGGATAGGTATGTT
TTTATTTATCCCATGAGAAACATTACCATCTTTAACTCAAGAATTTTGATCAACTATTAGATCTGTT
TTTCATTTTTTAACCTATCAGCCTTTCATTATTATTTTCATCAGTCAAAAATATATTCAATATGAAA
TAAATTTGAACGACTCAAGAAAAATGTTGAGCAACAAGAATTAATTTTTACTTAATTGACTTAACG
TACGATAGCCGAGATTTATTTAAGTTATATTGGAATATGACATAAAATATGGTATTTTTATTATT
GAATTTGATTTAAAAAATAAAATTTCTATATTATTGGAAGGACACTTCCTTTTAATTACTATGAA
TTTATTATTATGGGCAATAAATCATTTGTATTAATCCGCATTTTGCAAGTTTAGTTTATGAGACTT
GTTCTGGTTTTCTTATAGTTAACATGACAGTGCTATAATTGAATCTATTTTCATATTCAAACAGTT
TCAACCTGTTTACTAATAGTCTCGTGATAAAATAAATAAGTCACAGTGCATAAATTTAGCATATGAT
TTCAATGCAAGTAGAGAAAGAGTGGGGGGATGTCACCATAAACAGAAATCGAAACTACCGGCTTT
ATAGAAATGCATTCATAGTTTTTTATAGTAGAATATTTATGTGTGTTCTATTTCATGCCCCAAAGTAT
GCTCCTTAAATCCAAGACACTGCATTAGATAAATATGTTCTAGTTATTATCTGTAATTATCTGCTAA
TCAATCGACGCAGGCAGAATCTAAATTGCCGGGCAGAGAGATCCCGAACCTATATAAAGCCAG
AAGCAGTGCTCTATTTACGAGTAAAAGTAAAACCTCTGAAAACTGACAAGATGCAGATCAAGTT
CCTGTACTTCTTCTCGCTGTGATGACCATCTTCATCCTGGGCGCCAAGGAAGCCGAGGCCGACT
GTCTTTTCGGGCCGATATGGAGGTCCCTGTGCCGTCTGGGACAACGATACCTGCCGTCTGTGTTGC
AAGGAGGAAGGACGATCCAGTGGACACTGCAGCCCCAGTCTGAAGTGCTGGTGCGAAGGATGCT
AGTTCCTCTCCCACTTCGAAGGACGAAACACGCAGTCCCGAAAACCGTTGCTCGAAATCGCAAGA
AACTACTATGTATATCTTAATTTGTAGCATTGCTTGAGAACTACAAATACACATATTATTGCAAA

GAATTTAGACTCTATTATTCTGGGATTTTCCAATTTCTTATAATCGAAACTTGGGTTGCCAACCTG
AGACAATTGCTTTTGCTAATATAAGATATTCGCACTGCTGATGGGATTTGCCCCGGTTTTCCCTGGT
TTGTTCAACCGTGATAGTATGAACCTGTATCACCTCATCATTTGTTAAGTAACCGTCTAATAAATC
TCAATCGCAAGTAACCTCAGAAAATTCAAATAACAAATTTACTTGAAATTGGTATTATTTACATAA
AACTGCGGATTGTAAATATTAGAAATGCCGCTCATAGTAAGTTCTGATAATTTCCATGATTAGTGG
GGGATGTACTATTTTGTCTGAGTCTGAAGCTGTGAGAATTTGGGTTTCGAAAAGCTACAATAAA
TAGTAGTGCAGTATAATAGTTTAATAAAAATTGAATTATAAACTATAATAAAATAAAACATAACT
AATAGGTAAAAATCTAGAGGGGAAATAAGAGATTAAGAAAAACAAGACGGTTCATGTGAAATGCA
TTTTAAAGTTGGACAAATATTGACAAATATATTTAAGTAGTAATATTGATTAGGTAACAGAAAATC
GTACGCTTCAAAAGGCATTAGCTTATCGGTATTTGATATGCGCTCTTCTCTAAAGTCGTTATCTC
TGAAGAGGACAGTGCACACTTGAGAAATTGTTGGGGTAGCTTGAAAGACACAGTGCTGACAAATA
GAACCAGATTCTTCCATACTAAACAAATTAATTCAATATATAAATGCATTGATTCTAAGTTACGGT
TGGTTTAATTGGTAAAAATTGGCTTGATTCTGGGGAAACCCTTAAAAGGGCGTGACAGTTAATGAAG
ATGTCACCTCATCCATATTCATAGGCTATTATTAAAGTAATTGTAATTGCTTGATTAGATTAGAT
CGAATACATACAATGTATGTGT

付図4 TMU-2系統 標準型 (5578bp)

GGGTTTTTGGGAATCTAGTGGAAAACTTGGAACTTGGAAAAGTTGTCTCAATTTGGTTTTACGAAA
TGGTTTCAACTCGATAAAAAGAACTGAAATTGATAAGATCTTCGCACACTTTTGGGATTGAAAG
GTATAATATAAAACCTTGTATTGAATAGTGCATGCTGATCAATCGGTACACAAGTTGAGCAATCC
TTAAAGTATGCTGACATTAAAGAAGTAAAAATGCGTTGATATATAGGTATAACTCAGAATACCAT
GTGACATATCTTTAATCGGATATTCTCTGCTTACTTAGCTTATCTTACTCGATTTACCACGATTG
CCAGGTAAATCTGGACCCTATAAAAGGCCTTCTTAGGCTGTTGCAAGTAATTGCAAAGTAATTAC
TACCTCAGAATAAAGAAAAACTTTTCGTAAGATGGTGCAGATCCAGTTCCTGTTTTTATTCTTCGC
TGTTTTACCATCGTGGTCCTGGCTGCCAATATGGCTGATGCATCTGATTGCATGTCTGGAAAAT
TCACTGGACCCTGCTTCGCTTGGGATGGAGAACTATGCCGACGCCTCTGCAAGGAAGAAGGACG
AGTCAGTGGACATTGCAGTGCTGGATTGGCTTGTGGTGTGAAGAATGTTAAATTTATGTTATAT
TTTTGTGCACAAAAAATAAAAAATATATATAAATATCAGAGCAGAAATAATTATATTTTTCTTTTA
TCTACTCTACTTGAATTTTTATAATATTGGGACATAGGACTGACTGTGTATAATGAAGAAATGCA
CTTATTGTCTAAATATCTTCATTAAATATAAATAAATATAATTCAGTATTGCAGATAAAGGCAGGA
AAAACGATAAAGCGTGTGATAACGAGTTTCTGACCCGCTATTTTATATTTTCGGGAAGCTTGACGA
TTTCAGATAAGACTAAAGATTTGACTTCATAGTCTATTCTCCTGAAAGGCGTACAAAGGATGTTGA
AACCCACTGTTGCAGTCAACAGTACATTAGGAAAGTATCTGAAGACCAAAGGGGTATGCCACCTA
TATAAGCTCCCCATGAGCTATCGAGACCTAACGCCTTCCATAACTCAACTAAAGTACCAGCCTT
ACTGAGAATATATCCTTTACAATGGTGCAGATCAAATTCCTGTTTGCCTTCTCTGGCTGTTTTGACC
ATCGTTGTCCTGGCACCCAACCTCGGCGGATGCATATGATTGCATGTCTGGAACATATTCTGGACC
CTGCTTCTCTTGAATACAGAACATTGCCGACGCCTCTGCAAGGAAGAAGGACGAGTCAGTGGAC
ATTGCAGTCCCAAATTGGCATGTTGGTGTGAAGATTGTTAATTTTTTACAAAAATATAAGAAATA
TATATAAAATATTCAGAGCAGCAAATATAAAGTCTTTTATTTTTATGTTGGGAAAGCTCTAATAAT
TGTGTCTAATGAATGAGCCAATGTACTTATTTTCTATCGATCTTGCCTTAAATCAAATCTGATAT
TAACTACTTAACTGATAATACTAACAACAAAAGACAAGGAACAATAAAATGTAAGATGATGATC
TTCAGACTCGATTTTCCGGGAAGCTTATCGTCTTCAGATAAGGATATATATTTGCCATTATAACCT
GTTCTCCTAAAAAACAAAGTCGAGTGCCTCAACCTACTGCGTAAATTAGTCGAAATTCAAGGGG
GTATAGCACCTATATAAGCTCCCCTGCGTGCTGTGAGCCCAAACATCGTTCACAACTCAAGTGA
AACACCAGTCCCTTTGAGAATATATCATTTACAATGGTGCAGATCAAATTCCTGTTTGGCCCTCCTG
GCCGTGATGACAATTGTTGTCTGAGGCCAACATGGCGGATGCAGACTTTCTTTCTGGAAAATT
TAAGGGAGGTTGCATGGCTTGGAGTGGAGAGAAGTGCCGTCGCCTGTGCAAGGAAGAAGGAGGC
GTCAGTGGACATTGCAGTAGCAACTTTAAATGTTGGTGCGAACAATAAAATCGCATAACATTTCA
AACTGTAAATTGTTTTAAATAATTCCGTATATTGCATTGTGAAGAGAACTAATAAATAGTAAATG
TTTAAATTTATTTTGCTTGTGCGAATGATGGTAACTCAAATTTGTAACCTCAAAAAAATCCGT
ATGATGTAAACGCTTTAAAGAATTCTTAAAAAATTAATAAATAGGTTATTACGCGCAAAGTAAAC
TTTTAAATGCATTTTTCTTATCGTGTAAGACAAATCGTCACTGTGAAAACAAATTAAGAACAAAT

ATGTATGTAACATATCACAAAGAACAAGAAACCTACGATACAAATAAGAGGTAAACGACTCTTTTT
CCGAGAAGGCTTGATAACGATGATTTAAATTAACTCAAGAGGTGTCAATAAAGTAGATAAGTGC
TTCTGAAGAGTTGAAAATTATTGTTTTGTCAGCTAAGAACAACGAATTCATATATTATCGGTACAA
CAATTAATTTAAAAAATTGAGGATTTTCTAATATTTGGGACTGTTTCCTGTTTTGCTAAGATAAT
TAAATTTAATTCATTATTCAAGCAATTTTAACCAGTTTCTTAGAAGTCTCGTGATAAATTGTGCAT
AAAATAATATATGAATAAATGAATTGCTTAGGTTTTCCACCATGAACAAAAACCGGAACGTGCG
GGTTCATTTAAATGCATTGCTAGTTTTCTATAAGAGCATCTATCTATTAGTGGCCTAAAGTATGCA
ATTTATGAAAAATACACTGCAATCAAAATTATGAAATTACTTGCGGTAGTAAAAACCTCATTAGAT
GTATGATCATTCTATATTCTTATATAAACTGACTGTAAGATAATTAACGTGATCAGTACAATAA
ATTCTGAAAAATTGTAAAAATGTAATTTAATATTTGTTTTCTTTTCAAATTATTTTTTTTCATGTGA
AAAGCCCCAAAAGTATGCTTTTCAAAAAAGTATATTGCATTTATTTGCATTTTCCACCATGAATGCAA
ATTGCCTGGCACTGATATCCGGGCCTATATAAACGGCGGATCGCGGTTCAAAAACTCAAAAGT
AAACATTCTAACCAGAGAGTTTTTCTAAAAATGTCGCTTAACAAAAGCCTGTTTGTGTCTCGCC
GTGTTGGCCATCGTCCTAGTAATGGTGGCCACGAGACTTCGGCCATTGATTGTCTCTCGGGAAG
ATTCAGTGGACCTTGCTGGGCCTGGGATGGAGAGCAGTGCCGACGCCTCTGCAGGGAAGAAAAC
CATGTCTAGTGGACATTGCAGTGCCAGCCTGAAGTGTTGGTGCGAAGGATGCTAAGCCGAGCAAC
CTTAAACGTGTTTTTATTCTTCAATATCTACACATGAATTATGTATTTTTTATTGTTCTTACAAATA
AATACAAAACATATATCACTGCAAAAAATGTAATTTAACTGGGAACTTGAATGTCATTCCGATAG
GTATGTTTTTTATTTATCCCATGAGAAACATTACCATCTTTAACTCAAGAATTTTGATCAACTATTA
GATCTGTTCTTCATTTTTTAACTATCAGCTTTTTTATTATTATTTTCAGCAGTCAAAAATATATTCAA
TATGAAAATAATTAATTTTTTACTTAATTGACTTAACTTACGATAGCCGAGATTTATTTAAGTTATAT
TGGAATATAATTTCTAATTTAGAAATTTATCCTAGTATCTAAAATTTCTATATTTTTCTTGCACT
AAAAATTCTATATTATTGGATGGACACTTCCTTTTAATTACTATGAATTTATTATTATGGGCAATA
AATCATTTGTATTAATCCGCATTTTGCAAGTTAGTTTATGAGACTTGTTCTGGTTTTCTTATAGT
TAACATGACAGTGCTACTATTGAATCTATTTCATATTCAAACAGTTTCAACCTGTTTACTAATAGT
CTCGTGATAAAATAAATAAGTCACAGTGCAATAATTTAGCATATGATTTCAATGCAAGTAGAGAAA
GAGTGGGGGGATGTCACCATAAACAGAAATCGAACTACCGGCTTTATAGAAATGCATTCATAGT
TTTTATAGTAGAATATTTATGTGTGTTCTATTCATGCCCCAAAGTATGCTCCTTAAATCCAAGACA
CTGCATTAGATAATATGTTCTAGTTATTATCTGTAATTATCTGCTAATCAATCGACGCAGGCAGAA
TCGAAATTGCCGGCAGAGAGATCCCGAACCTATATAAAGCCCAGAAAGCAGTGCTCTATTTACG
AGTAAAAGTAAAACCCTCTGAAAACTGACAAGATGCAGATCAAGTTCCTGTACTTCTTCCTCGCT
GTGATGACCATCTTCATCCTGGGCGCCAAGGAAGCCGAGGCCGACTGTCTTTCGGGCCGATATG
GAGGTCCCTGTGCCGTCTGGGACAACGAGACCTGCCGTCGTGTTTGCAAGGAGGAAGGACGATC
CAGTGGACACTGCAGCCCCAGTCTGAAGTGCTGGTGCGAAGGATGCTAGTTCCTCTCCCACTTCG
AAGGACGAAACACGCAGTCCCGAAAACCGTTGCTCGAAATCGCAAGAAAACTACTATGTATATCT
TAATTTGTAGCATTGCTTGAGAACTACAAATACACATATTATTGCAAAGAATTTAGACTCTATTAT

TCTGGGATTTTCCAATTTCTTATAATCGAAACTTGGGTTGCCAACCTGAGACAATTGCTTTGCTAA
TATAAGATATTCGCACTGCTGATGGGATTTGCCCCGGTTTTCCCTGGTTTGTTC AACCGTGATAGT
ATGAACCTGTATCACCTCATCATTTGTTAAGTAACCGTCTAATAAATCTCAATCGCAAGTAACCTC
AGAAAATTCAAATAACAAATTTACTTGAAATTGATATTATTTACATAAACTGCGGATTGTGAATG
TTAAAAATGCCGTTTCATAGTAAGTTCTGATAATTTCCATGATTATTGGGGGATGTACTATTTTGTT
CTGAGTCTGAAGCTGTGAGAATTTGGGTTTCGAAAAGCTACAATAAATAGTAGTGCAGTATAATA
GTTTAATAAAATTGAATTATAAACTATAATAAAATAAAACATAATACTAATAGGTAAAAATCTAGA
GGGAAATAAGTGATTAAGAAAAACAAGACGGTTCATGTGAAATGCATTTTAAAGTTGGACAAAT
ATTGACAAATATATTTAAGTAGTAATATTGATTAGGTAACAGAAAATCGTACGCTTCATAAGGCAT
TAGCTTATCGGTATTTGATATGTGGTCTTTCTCTAAAGTCGTGATCTCTGAAGAGGACAGTGC GC
ACTTGAGAAATTGTTGGGGTAGCTTGAAAGACACAATGCTGATAAATAGAACCAGATTCTTCCAT
ACTAAACAAATTAATTCAATATATAAATGCATTGATTCTAAGTTACGGTTGGTTTAATTGGTAAAA
TTGGCTTGGTTCTGGGGAAACCCTTTAAAAGGGCGTGCAGTTAATGAAGATGTCACTCATCCATA
TTCCATAGGCTATTATTAAAGTAATTGTAATTGCTTGCATTAGATTAGATCGAATACATACAATGT
ATGTGT

付図5 TMU-4系統 標準型 (5595bp)

GGGTTTTTGGAAATCTAGTGGAAAACCTGGAACTTGGAAAAGTTGTATCAATTTGATTTTACGAA
ATGGTTTCATCTTGATAAAAAGAACTGAAATTGATAAGATCTTCGCACACTTTTGGGATTGAAAG
AATGGTTGTTTTTCGGATATAATATAAAACCTTGTTTATGAATAGTGCATGCTGATCAATCGGTACA
CAAGTTGAGCAATCCTTAAAGTGTGCTGGCATTAAAGTAGTAAAAAATGCGTTGATATATAGGTA
TAACTCAGAATACCATGAGACATATCTTTAATCGGATACTCTCTGCTTACTTAGCTTATCTTACTC
GATTTACACGATTGCCAGGTAAACCTGGACCCTATAAAAGGCCTTCTTAGGCTGTTGCAAGTA
ATTGCGAAAGTAATTACTACCTCAGAATAAAGAAAACTTTTCGTAAGATGGTGCAGATCCAGGTC
CTGTTTGTATTCTTGGCTGTTTTACCATCGTGGTCCTGGCTGCCAATATGGCTGATGCATCTGAT
TGCATGTCTGGAAAATTCCTGACCTGCTTCGCTTGGGATGGAGAACTATGCCGACGCCTCTG
CAAGGAAGAAGGACGAGTCAGTGGACATTGCAGTGTGCTGGATTGGCTTGTGGTGTGAAGAATGC
TAAATTTATGTTATATTTTGTGCACAAAAAATAATAAATATATATAAATATCAAAGCAAAAAATAA
TTATATTTTTCTTGTATCTACTCTACTTGAATTTTTATAATATTGGGACATAGGACTGACTGTGT
ATAATGAAGAAATGCTCTTATTGTCTAAATATCTTCATTAAATATAAATAAATATAATTCAGTATT
GCAGATAAAGGCAGGAAAAACGATAAAGCGTGTGATAACGAGTTTCTGACCCGCTATTTTATATT
TCGGGAAGCTTGACGATTTTCAGATAAGACTAAAGATTGACTTCATAGTCTATTCTCCTGAAAGG
CGTACAAAGGATGTTGAAACCCACTGTTGCAGTACATTAGGAAAGTATCTGAAGACCAAAGGGGT
ATGCCACCTATATAAGCTCCCCCATGAGCTATCGAGACCTAACGCCTTCCATAACTCAACTAAAG
TACCAGCCTTACTGAGAATATATCCTTTACAATGGTGCAGATCAAATTCCTGTTTGCCTTCCTGGC
TGTTTTGACCATCGTTGTCTGGCACCCAACTCGGCGGATGCATATGATTGCATGTCTGGAACAT
ACTCTGGACCCTGCTTCTCTTGAATACAGAACATTGCCGACGCCTCTGCAAGGAAGAAGGACGA
GTCAGTGGACATTCCCAAATTGGCATGTTGGTGTGAAGATTGTTAATTTTTTCACAAAAATATAAG
AAATATATATAAAAAGTCTTTTATTTTTATGTTGGGAAAGCTCTAATAATTGTGTCTAATGAATGA
GCCAATGTACTTATTTTCTATCGATCTTGCACCTAAATCAAATCTGATATTAATACTTAACTGAT
AATAACTAACAACAAAAGACAAGGAACAATAAAATGTAAGATGATGATCTTCAGACTCGATTTTC
CGGGAAGCTTATCGTCTTCAGATAAGGATATATATTTGCCATTATAACCTGTTCTCCTAAAAACA
AAGTCGAGTGCCTCAACCTACTGCGTAAATTAGTCGAAATTCAAGGGGGTATAGCACCTATATA
AGCTCCCCTGCGAGCTGTGAGCCCAACATCGTTCAAACTCAAGTGAAACACCAGTCCCTTTG
AGAATATATCATTTACAATGGTGCAGATCAAATTCCTGTTTGGCCCTCCTGGCCGTGATGACAATTG
TTGTCTGGAGACCAACATGGCGGATGCAGACTTTCTTTCTGGAAAATTTAAGGGAGGTTGCATG
GCTTGGAGTGGAGAGAAGTGCCGTGCCTGTGCAAGGAAGAAGGAGGCGTCAGTGGACATTGCA
GTAGCAACTTTAAATGTTGGTGCGAACAATAAAAAATCGCATATATTTCAAACTGTAAATTGTTTT
AAATAATTCCGTATATTGCATTGTGAAGAGAACTAATAAATATGTATGTTATTAACCGCATAGTAA
ATGTTTAAATTTATTTTGTCTTGTGCGAATGATGGTAACTCAAATTTGTAACCTCAAAAAAATC
CGTATGATGTAAACCTTTTTAAAGAATTCTTAAAAAATTAATAATTATGTTATTCAGCGCAAAGTA
AACTTTTAAATGCATTTTTCTTATCGTGTAAGACAAATCGTCACTGTGAAAACAAATTAAGAACA

AATATGTATGTAACATATCACAAAGAACGGGAAACCTACGATACAAATAAGAGGTTAACGACTCT
TTTTCCGAGAAGGCTTGATAACGATGATTTAAATTAAACTCAAGAGGTGTCAATAAAATAGATAA
GTGCTTCTGAAGAGTTGAAAATTATTGTTTTGTCAGCTAAGAACAACGAATTCATATATTATCGGT
ACAACAATTAATTTAAAAAATTTAAGATTTTCTAATATTATGGGACTGTTTCCTGTTTTGCTAAGA
TAATTAAATTTAATTCATTATTCAAGCAATTTTAACCAGTTTCTTAGAAGTCTCGTGATAAATTGT
GCATAAAACTAAATATATGAATAAATTAATTGCTTAGGTTTTTCACCATGAACAAAAACCGGAACCTG
TCGGGTTCAATTTAAATGCATTGCTAGTTTTCTATAAGAGCATCTATCTATTAGTGCCTTAAAGTAT
GCAATTTATGAAAAATACACTGCAATCAAAATTATGAAATTACTTGCGGTAGATGGAAATGAAAA
GATCATTTCTATATACTTATATATAGCTGACGTAATCAGTACAATAAATTCGGAAAAATTTTAAAA
ATTCAATTAATATTTGTTTCCTTTTCAAATTCCTTTTTTTTTCTTTAAAAATTGTTTCATGTGAAAAGCC
CAAAAGTATGCTTTCAAAAAAGTATATTGCATTTATTTGCATTTTCACCATGAATGCAAATTGCCT
GGCACTGATATTCTAGGCCTATATAAACGACGGATCGCGGTTCAAAAAACTCAAAAGTAAAAATT
CTAACCAGAGAGTTTTTCTAAAAATGTCGCTTAACAAAAGCCTGTTTGTTGTCCTCGCCGTGTTGG
CCATCGTCCTAGTAATGGTGGCCCACGAGACTTCGGCCATTGATTGTCTCTCGGGAAGATTCACT
GGACCTTGCTGGGCCTGGGATGGAGAGCAGTGCCGACGCCTCTGCAGGGAAGAAAACCATGTCA
GTGGACATTGCAGTGCCAGCCTGAAGTGTTGGTGCAGGATGCTAAGCCGAGCAACCTTAAAC
GTGTTTTTATTCTTCAATATCTACACATGAATTATGTATTTTTTATTGTTCTTACAAATAAATACAA
AATGTATATCGCGGCAAAAATGTAATTTAACTGGGAAACTGCAATATCATTCGGATAGGTATGTT
TTTATTTATCCCATGAGAAACATTACCATCTTTAACTCAAGAATTTTGATCAACTATTAGATCTGTT
TTTCATTTTTTAACCTATCAGCCTTTCATTATTATTTTCATCAGTCAAAAATATATTCAATATGAAAA
TAAATTTGAACGACTCAAGAAAAATGTTGAGCAACAAGAATTAATTTTTTACTTAATTGACTTAACG
TACGATAGCCGAGATTTATTTAAGTTATATTGGAATATGACATAAAATATGGTATTTTTATTATT
GAATTTGATTTAAAAAAATAAAATTTCTATATTATTGGAAGGACACTTCCTTTTAATTACTATGAA
TTTATTATTATGGGCAATAAATCATTTGTATTAATCCGCATTTTGCAAGTTTAGTTTATGAGACTT
GTTCTGGTTTTTCCTTATAGTTAACATGACAGTGCTACTATTGAATCTATTTTCATATTCAAACAGTT
TCAACCTGTTTACTAATAGTCTCGTGATAAAATAAATAAGTCACAGTGCATAAATTTAGCATATGAT
TTCAATGCAAGTAGAGAAAGAGTGGGGGGATGTCACCATAAACAGAAATCGAAACTACCGGCTTT
ATAGAAATGCATTCATAGTTTTTTATAGTAGAATATTTATGTGTGTTCTATTTCATGCCCAAAGTAT
GCTCCTTAAATCCAAGACACTGCATTAGATAAATATGTTCTAGTTATTATCTGTAATTATCTGCTAA
TCAATCGACGCAGGCAGAATCGAAATTGCCGGGCAGAGAGATCCCGAACCTATATAAAGCCCA
GAAGCAGTGCTCTATTTACGAGTAAAAGTAAAACCTCTGAAAACCTGACAAGATGCAGATCAAGT
TCCTGTACTTCTTCCTCGCTGTGATGACCATCTTCATCCTGGGCGCCAAGGAAGCCGAGGCCGAC
TGCTTTTCGGGCCGATATGGAGGTCCCTGTGCCGTCTGGGACAACGAGACCTGCCGTCTGTTTG
CAAGGAGGAAGGACGATCCAGTGGACACTGCAGCCCCAGTCTGAAGTGCTGGTGCGAAGGATGC
TAGTTCCTCTCCCACTTCGAAGGACGAAACACGCAGTCCCGAAAACCGTTGCTCGAAATCGCAAG
AAAACACTATGTATATCTTAATTTGTAGCATTGCTTGAGAACTACAAATACACATATTATTGCAA

AGAATTTAGACTCTATTATTCTGGGATTTTCCAATTTCTTATAATCGAAACTTGGGGTTGCCAACCT
GAGACAATTGCTTTGCTAATATAAGATATTCGCACTGCTGATGGGATTTGCCCCGGTTTTCCCTG
GTTTGTTCAACCGTGATAGTATGAACCTGTATCACCTCATCATTTGTTAAGTAACCGTCTAATAAA
TCTCAATCGCAAGTAACCTCAGAAAAATCAAATAACAAATTTACTTGAAATTGGTATTATTTACAT
AAAAGTGC GGATTGTAAATATTAGAAATGCCGCTCATAGTAAGTTCTGATAATTTCCATGATTAGT
GGGGGATGTACTATTTTGTCTGAGTCTGAAGCTGTGAGAATTTGGGTTTCGAAAAGCTACAATA
AATAGTAGTGCAGTATAATAGTTTAAATAAAATTGAATTATAAACTATAATAAAATAAAACATAATA
CTAATAGGTAAAAATCTAGGGGGAAATAAGAGATTAAGAAAAACAAGACGGTTCATGTGAAATG
CATTTTAAAGTTGGACAAATATTGACAAATATATTTAAGTAGTAATATTGATTAGGTAACAGAAAA
TCGTACGCTTCAAAAAGGCATTAGCTTATCGGTATTTGATATGCGCTCTTTCTCTAAAGTCGTTATC
TCTGAAGAGGACAGTGCACACTTGAGAAATTGTTGGGGTAGCTTGAAAGACACAGTGCTGACAAA
TAGAACCAGATTCTTCCATACTAAACAAATTAATTCAATATATAAATGCATTGATTCTAAGTTACG
GTTGGTTTAAATTGGTAAAATTGGCTTGATTCTGGGGAAACCCTTAAAAGGGCGTGCAGTTAATGA
AGATGTCACTCATCCATATTCCATAGGCTATTATTAAAGTAATTGTAATTGCTTGCTTAGATTAG
ATCGAATACATACAATGTATGTGT

付図6 TMU-6系統 標準型 (5587bp)

GGGTTTTTGGAATCTAGTGGAACCTTGGAACCTTGGAAGTTGACACAATTTGGTTTTACGAA
ATGGTTTCAACTTAATAAAAAGAACTGAAATTGATAAGATCTTCGCACACATTTGGGATTGAAA
GAATGGTTGTTTTCGGATATAATATAAAACCTTGTTTTATGAATAGTGCATGCTGATCAATCGGTAC
ACAAGTTGAGCAATCCTTAAAGTATGCTGACATTAAAGAAGTAAAAATGCGTTGATATATAGGTA
TAACTCAGAATACCATGTGACATATCTTTAATCGGATATTCTCTGCTTACTTAGCTTATCTTACTC
GATTTACACGATTGCCAGGTAAATCTGGACCCTATAAAAGGCCTTCTTAGGCTGTTGCAAGTA
ATTCGAAAGTAATTACTACTCAGAATAAAGAAAACTTTTCGTAAGATGGTGCAGATCCAGTTCCT
GTTTGTATTCTTCGCTGTTTTACCATCGTGGTCCTGGCTGCCAATATGGCTGATGCATCTGATTG
CATGTCTGGAATTCACTGGACCCTGCTTCGCTTGGGATGGAGAACTATGCCGACGCCTCTGCA
AGGAAGAAGGACGAGTCAGTGGACATTGCAGTGTGGATTGGCTTGTTGGTGTGAAGAATGTTA
AATTTATGTTATATTTTGTGCACAAAAAATAATAAATATATATAAATATCAGAGCAGAAATAATT
ATATTTTTCTTTTATCTACTCTACTTGGAATTTTTATAATATTGGGACATAGGACTGACTGTGTATA
ATGAAGAAATGCTCTTATTGTCTAAATATCTTCATTAAATATAAATGAATATGATACAGTATTGCA
GATAAAGGCAGGAAAAACGATAACGCGTGTGATAACGAGTTTCTGACCCGCTATTTTCGGGAAGCT
TGACGATTTTCAGATAAGACTAAAGATTTGACTTCGTAGTCTATTCTCCTGAAAGGCATACAAAGG
ATGTTGAAACCCACTGTTGCAGTCAACAGTACATTAGGAAAGTATCTGAAGACCAAAGGGGTATG
CCACCTATATAAGCTCCCCCATGAGCTATCGAGACCTAACGCCTTCCATAACTCAACTAAAGTAC
CAGCCTTACTGAGAATATATCCTTTACAATGGTGCAGATCAAATTCCTGTTTGCCTTCCTGGCTGT
TTTGACCATCGTTGTCTGGCACCCAACCTCGGCGGATGCATATGATTGCATGTCTGGAACATATT
CTGGACCCTGCTTCTCTTGAATACAGAACATTGCCGACGCCTCTGCAAGGAAGAAGGACGAGTC
AGTGGACATTTGCAGTCCCAAATTTGGCATGTTGGTGTGAAGATTGTTAATTTTTTTCACAAAAATAT
AAGAAATATATATAAAATATTCAGAGCAGCAAATATAAAGTCTTTTTATTTTTATGTTGGGAAAGCT
CTAATAATTGTGTCTAATGAATGAGCCAATGTACTTATTTTCTATCGATCTTGCACCTAAATCAAA
TCTGATATTAATACTTAACTGATAATACTAACAACAAAAGACAAGGAACAATAAAATGTAAGAT
GATGATCTTCAGACTCGATTTTCCGGGAAGCTTATCGTCTTCAGATAAGGATATATATTTGCCATT
ATAACCTGTTCTCCTAAAAAACAAAGTCGAGTGCACCTCAACCTACTGCGTAAATTAGTCGAAATTC
AAGGGGGTATAGCACCTATATAAGCTCCCCTGCGTGTGTGCGAGCCCAAACATCGTTCACAACTC
AAGTGAAACACCAGTCCCTTTGAGAATATATCATTTACAATGGTGCAGATCAAATTCCTGTTTGGC
CTCCTGGCCGTGATGACAATTGTTGTCTGGAGGCCAACATGGCGGATGCAGATTTTCTATCTGG
AAAATTTAAGGGAGGTTGCATGGCTTGGAGTGGAGAGAAGTGCCGTGCGCTGTGCAAGGAAGAA
GGAGGCGTCAGTGGACATTGCAGTAGCAACTTTAAATGTTGGTGCGAACAATAAAAAATCGCATAC
ATTTCAAACTGTAAATTGTTTTAAATAATTCCGTATATTGCATTGTGAAGAGAACTAATAAATAG
TAAATGTTTTAAATTTATTTTGCTGTTTGCGAATGATGGTAACTCAAATTTGTAACCTCAAAAAA
ATCCGTATGATGTAAAACGTTTTAAAGAATCTTAAAAAATTAATAAATAGGTTATTCAGCGCCAA
AGTAACTTTTAAATGCATTTTTCTTATCGTGAAGACAAATCGTCACTGTGAAAACAAATTAAG

AACAAATATGTATGTAACATATCACAAAGAACAAGAAACCTACGATACAAATAAGAGGTTAACGA
CTCTTTTTCCGAGAAGGCTTGATAACGATGATTTAAATTTAACTCAAGAGGTGTCAATAAAGTAG
ATAAGTGCTTCTGAAGAGTTGAAAATTATTGTTTTGTCTAGCTAAGAACAACGAATTCATATATTAT
CGGTACAACAATTAATTTAAAAAATTGAAGATTTTCTAATATTATGGGACTGTTTCCTGTTTTGCT
AAGATAATTAAATTTAATTCATTATTCAAGCAATTTTAACCAGTTTCTTAGAAGTCTCGTGATAAA
TTGTGCATAAACTAAATATATGAATAAATGAATTGCTTAGGTTTTCCACCATGAACAAAAACCGGA
ACTGTCGGGTTCATTTAAATGCATTGCTAGTTTTCTATAAGAGCATCTATCTATTAGTGCCCTAAA
GTATGCAATTTATGAAAAATACACTGCAATCAAAATTATGAAATTACTTGCGGTAGTAAAAACCTC
ATTAGATGTATGATCATTTCTATATTCTTATATAAACTGACTGTAAGATAATTAACGTGATCAGT
ACAATAAATTCTGAAAAATTGTAAAAATGTAATTTAATATTTGTTTCCTTTCAAATTAATTTTTTTT
CATGTGAAAAGCCCCAAAAGTATGCTTTCACAAAAAGTATATTGCATTTATTTGCATTTTCACCATG
AATGCAAATTGCCTGGCACTGATATTCCGGGCCTATATAAACGGCGGATCGCGGTCAAACAACT
CAAAAGTAAACATTCTAACCAGAGAGTTTTTCTAAAAATGTCGCTTAACAAAAGCCTGTTTGTTGT
CCTCGCCGTGTTGGCCATCGTCCTAGTAATGGTGGCCACGAGACTTCGGCCATTGATTGTCTCT
CGGGAAGATTCAGTGGACCTTGCTGGGCCTGGGATGGAGAGCAGTGCCGACGCCTCTGCAGGGA
AGAAAACCATGTCAGTGGACATTGCAGTGCCAGCCTGAAGTGTGGTGCGAAGGATGCTAAGCC
GAGCAACCTTAAACGTGTTTTTATTCTTCAATATCTACACATGAATTATGTATTTTTTATTGTTCTT
ACAAATAAATACAAAACATATATCACTGCAAAAATGTAATTTAACTGGGAACTTGAATGTCATTC
GGATAGGTATGTTTTTATTTATCCCATGAGAAACATTACCATCTTTAACTCAAGAATTTTGATCAA
CTATTAGATCTGTTCTTCATTTTTTAACCTATCAGCTTTTTATTATTATTTTCAGCAGTCAAAAATAT
ATTCAATATGAAAATAATTAATTTTTACTTAAATTGACTTAACTTACGATAGCCGAGATTTATTTAA
GTTATATTGGAAATATAATTTCTAATTTAGAAATTTATCCTAGTATCTAAAATTTCTATATTTTTCT
TGCATCTAAAAATTCTATATTATTGGATGGACACTTCCTTTTAATTACTATGAATTTATTATTATGG
GCAATAAATCATTTGTATTAATCCGCATTTTGCAAGTTTAGTTTATGAGACTTGTTCTGGTTTTCC
TTATAGTTAACATGACAGTGCTACTATTGAATCTATTTTCATATTCAAACAGTTTCAACCTGTTTAC
TAATAGTCTCGTGATAAATAAATAAGTCACAGTGCATAAAATTTAGCATATGATTTCAATGCAAGTA
GAGAAAGAGTGGGGGGATGTCACCATAAACAGAAATCGAAACTACCGGCTTTATAGAAATGCATT
CATAGTTTTTTATAGTAGAATATTTATGTGTGTTCTATTTCATGCCCCAAAGTATGCTCCTTAAATCC
AAGACACTGCATTAGATAATATGTTCTAGTTATTATCTGTAATTATCTGCTAATCAATCGACGCAG
GCAGAATCGAAATTGCCGGGCAGAGAGATCCCGAACCTATATAAAGCCCAGAAGCAGTGCTCT
ATTTACGAGTAAAAGTAAAACCTCTGAAAACCTGACAAGATGCAGATCAAGTTCCTGTACTTCTTC
CTCGCTGTGATGACCATCTTCATCCTGGGCGCCAAGGAAGCCGAGGCCGACTGTCTTTTCGGGCC
GATATGGAGGTCCCTGTGCCGTCTGGGACAACGAGACCTGCCGTCTGTGTTTGCAAGGAGGAAGG
ACGATCCAGTGGACACTGCAGCCCCAGTCTGAAGTGCTGGTGCGAAGGATGCTAGTTCCTCTCCC
ACTTCGAAGGACGAAACACGCAGTCCCGAAAACCGTTGCTCGAAATCGCAAGAAAACCTACTATGT
ATATCTTAATTTGTAGCATTGCTTGAGAACTACAAATACACATATTATTGCAAAGAATTTAGACTC

TATTATTCTGGGATTTTCCAATTTCTTATAATCGAAACTTGGGTTGCCAACCTGAGACAATTGGTT
TGCTAATATAAGATATTCGCACTGCTGATGGGATTTGCCCCGGTTTTCCCTGGTTTGTTC AACCGT
GATAGTATGAACCTGTATCACCTCATCATTTGTTAAGTAACCGTCTAATAAATCTCAATCGCAAGT
AACCTCAGAAAATTCAAATAACAAATTTACTTGAAATTGGTATTATTTACATAAAACTGCGGATTG
TAAATATTAGAAATGCCGCTCATAGTAAGTTCTGATAATTTCCATGATTAGTGGGGGATGTACTAT
TTTGTCTGAGTCTGAAGCTGTGAGAATTTGGGTTTCGAAAAGCTACAATAAATAGTAGTGCAGT
ATAATAGTTTAATAAAAATTGAATTATAAACTATAATAAAATAAAACATAATACTAATAGGTAAAAA
TCTAGAGGGAAATAAGAGATTAAGAAAAACAAGACGGTTCATGTGAAATGCATTTTAAAGTTGG
ACAAATATTGACAAATATATTTAAGTAGTAATATTGATTAGGTAACAGAAAATCGTACGCTTCATA
AGGCATTAGCTTATCGGTATTTGATATGTGGTCTTTCTCTAAAGTCGTGATCTCTGAAGAGGACA
GTGCGCACTTGAGAAATTGTTGGGGTAGCTTGAAAGACACAGTGCTGACAAATAGAACCAGATTC
TTCCATACTAAACAAATTAATTCAATATATAAATGCATTGATTCTAAGTTACGGTTGGTTTAATTG
GTAAAATTGGCTTGATTCTGGGGAAACCCTTAAAAGGGCGTGCAGTTAATGAAGATGTCACTCAT
CCATATTCATAGGCTATTATTAAAGTAATTGTAATTGCTTGCAATTAGATTAGATCGAATACATAC
AATGTATGTGT

付図7 TMU-7系統 標準型 (5598bp)

GGGTTTTTGGAAATCTAGTGGAAAACCTGGAACTTGGAAAAGTTGACACAATTTGGTTTTACGAA
ATGGTTTCAACTCGATAAAAAGAACTGAAATTGATAAGATCTTCGCACACATTTGGGATTGAAA
GAATGGTTGTTTTCGGATATAATATAAAACCTTGTTTTATTAATAGTGCATGCTGATCAATCGGTAC
ACAAGTTGAGCAATCCTTAAAGTATGCTGACATTAAAGAAGTAAAAATGCGTTGATATATAGGTA
TAACTCAGAATACCATGTGACATATCTTTAATCGGATATTCTCTGCTTACTTAGCTTATCATTCTC
GATTTCAACCACGATTGCCAGGTAAATCTGGACCCTATAAAAGGCCTTCTTAGGCTGTTGCAAGTA
ATTCGAAAGTAATTACTACCTCAAAATAAAGAAAACTTTTCGTAAGATGGTGCAAATCCAGTTCC
TGTTTTTATTCTTCGCTGTTTTCAACATCGTGGTCCTGGCTGCCAATATGGCTGATGCATCTGATT
GCATGTCTGGAAAATTCACTGGACCCTGCTTCGCTTGGGATGGAGAACTATGCCGACGCCTCTGC
AAGGAAGAAGGACGAGTCAGTGGACATTGCAGTGCTGGATTGGCTTGTGGTGTGAAGAATGTT
AAATTTATGTTATATTTTGTGCACAAAAAATAAAAAATATATATAAATATCAGAGCAGAAATAAT
TATATTTTTCTTTTATCTACTCTACTTGGAATTTTTATAATATTGGGACATAGGACTGACTGTGTAT
AATGAAGAAATGCACTTATTGTCTAAATATCTTCATTAAATATAAATAAATATAATTCAAGTATTGC
AGATAAAGGCAGGAAAAACGATAAAGCGTGTGATAACGAGTTTCTGACCCGCTATTTTATATTTTC
GGGAAGCTTGACGATTTTCAGATAAGACTAAAGATTTGACTTCATAGTCTATTCTCCTGAAAGGCG
TACAAAGGATGTTGAAACCCACTGTTGCAGTCAACAGTACATTAGGAAAGTATCTGAAGACCAAA
GGGGTATGCCACCTATATAAGCTCCCCCATGAGCTATCGAGACCTAACGCCTTCCATAACTCAAC
TAAAGTACCAGCCTTACTGAGAATATATCCTTTACAATGGTGCAGATCAAATTCCTGTTTGCCTTC
CTGGCTGTTTTGACCATCGTTGTCTGCGCACCAACTCGGCGGATGCATATGATTGCATGTCTGG
AACATACTCTGGACCCTGCTTCTCTTGAATACAGAACATTGCCGACGCCTCTGCAAGGAAGAAG
GACGAGTCAGTGGACATTGCAGTCCCAAATTGGCATGTTGGTGTGAAGATTGTTAATTTTTTTCAC
AAAAATATAAGAAATATATATAAAATATTCAAGAGCAGCAAATATAAAGTCTTTTATTTTTATGTTG
GGAAAGCTCTAATAATTGTGTCTAATGAATGAGCCAATGTACTTATTTTCTATCGATCTTGCACCTT
AAATCAAATCTGATATTAACACTTAACTGATAATAACTAACAACAAAAGACAAGGAACAATAAAA
TGTAAGATGATGATCTTCAGACTCGATTTTCCGGGAAGCTTATCGTCTTCAGATAAGGATATATAT
TTGCCATTATAACCTGTTCTCCTAAAAAACAAAGTCGAGTGCACCTCAACCTACTGCGTAAATTAGT
CGAAATTCAGGGGGTATAGCACCTATATAAGCTCCCCTGCGAGCTGTGAGCCCAAACATCGTT
CACAACCTCAAGTGAAACACCAGTCCCTTTGAGAATATATCACTTACAATGGTGCAGATCAAATTC
CTGTTTGGCCCTCCTGGCCGTGATGACAATTGTTGTCTGGAGGCCAACATGGCGGATGCAGACTT
TCTTTCTGGAATAATTAAGGGAGGTTGCATGGCTTGGAGTGGAGAGAAGTGCCGTCGCCTGTGCA
AGGAAGAAGGAGGCGTCAGTGGACATTGCAGTAGCAACTTTAAATGTTGGTGCGAACAATAAAA
ATCGCGTATATTTCCAACTGTAAATTGTTTTAAATAATTCCGTATATTGCATTGTGAAGAGAACT
AATAAATATGTATGTTATGAACCGCATAGTAAATGTTTAAATTTATTTTGCTTGGTTGCGAATAAT
GGTAACTCAAATTTGTAACCTCAAAAAAATCCGTATGATGTAAAACGTTTTAAAGAATTCTTAGC
GCAAAGTTTTAAATGCATTTTTCTTATCGTGTAAGACAAATCGTCACTGTGAAAACAAATTAAGAA

CAAATATGTATGTAACATATCACAAAGAACGGGAAACCTACGATACAAATAAGAGGTTAACGACT
CTTTTTCCGAGAAGGCTTGATAACGATGATTTAAATTAAACTCAAGAGGTGTCAATAAAGTAGAT
AAGTGCTTCTGAAGAGTTGAAAATTATTGTTTTGTCTAGCTAAGAACAACGAATTCATATATTATCG
GAACAACAATTAATGTAAAAAATTGAAGATTTTCTAATATTATGGGACTGTTTCCTGTTTTGCTAA
GATAATTAAATTTAATTCATTATTCAAGCAATTTTAACCAGTTTCTTAGAAGTCTCGTGATAAATT
GTGCATAAAACTAAATATATGAATAAATGAATTGCTTAGGTTTTACCATTGAACAAAAACCGGAA
CTGTGCGGGTTCATTTAAATGCATTGCTAGTTTTCTATAAGAGCATCTATCTATTAGTGCCCTAAAG
TATGCAATTTATGAAAAATACACTGCAATCAAAATTATGAAATTACTTGCGGTAGATGTAAATGAA
AAGATCATTTCTATATACTTATATATAGCTGACGTAATCAGTACAATAAATTCGGAAAAATTTTTAA
AAATTCAAATTAAATATTCGTTTCCTTTTTCAAATTCTTTTTTTTCTTTAAAAATTGTTTCATGTGAAAAG
CCCCAAAGTATGCTTTCACAAAAAGTATATTGCATTTATTTGCATTTTCACCTTGAATGCAAATTG
CCTGGCACTGATATTCGCGGCCTATATAAACGGCGGATCGCGGTTCAAAAACTCAAAAGTAAAC
ATTCTAACCAGAGAGTTTTTCTAAAAATGTCGCTTAACAAAAGCCTGTTTGTTGTCCTCGCCGTGT
TGGCCATCGTCCTAGTAATGGTGGCCCACGAGACTTCGGCCATTGATTGTCTCTCGGGAAGATTC
AGTGGACCTTGCTGGGCCTGGGATGGAGAGCAGTGCCGACGCCTCTGCAGGGAAGAAAACCATG
TCAGTGGACATTGCAGTGCCAGCCTGAAGTGTGGTGCAGGATGCTAAGCCGAGCAACCTTA
AACGTGTTTTTATTCTTCAATATCTACACATGAATTATGTATTTTTTATTGTTCTTACAAATAAATA
CAAAATGTATATCGCGGCAAAAATGTAATTTAACTGGGAAACTGCAATATCATTCCGATAGGTAT
GTTTTTATTTATCCCATGAGAAACATTACCATCTTTAACTCAAGAATTTTGATCAACTATTAGATCT
GTTTTTCATTTTTTAACCTATCAGCCTTTCATTATTATTTTCATCAGTCAAAAATATATTCAATATGA
AAATAAATTTGAACGACTCAAGAAAAATGTTGAGCAACAAGAATTAATTTTTACTTAATTGACTTA
ACGTACGATAGCCGAGATTTATTTAAGTTATATTGGAAATATGACATAAAATATGGTATTTTTATTT
ATTGAATTTGATTTAAAAAAATAAAATTTCTATATTATTGGAAGGACACTTCCTTTTAATTACTATG
AATTTATTATTATGGGCAATAAATCATTTGTATTAATCCGCATTTTGCAAGTTTAGTTTATGAGAC
TTGTTCTGGTTTTTCCTTATAGTTAACATGACAGTGCTACTATTGAATCTATTTTCATATTCAAACAG
TTTCAACCTGTTTACTAATAGTCTCGTGATAAAATAAATAAGTCACAGTGCATAAATTTAGCATATG
ATTTCAATGCAAGTAGAGAAAGAGTGGGGGGATGTCACCATAAACAGAAATCGAAACTACCGGCT
TTATAGAAATGCATTCATAGTTTTTTATAGTAGAATATTTATGTGTGTTCTATTTCATGCCCCAAAGT
ATGCTCCTTAAATCCAAGACACTGCATTAGATAATATGTTCTAGTTATTATCTGTAATTATCTGCT
AATCAATCGACGCAGGCAGAATCGAAATTGCCGGGCAGAGAGATCCCGAACCTATATAAAGCC
CAGAAGCAGTGCTCTATTTACGAGTAAAAGTAAAACCCTCTGAAAACTGACAAGATGCAGATCAA
GTTCTGTACTTCTTCCTCGCTGTGATGACCATCTTCATCCTGGGCGCCAAGGAAGCCGAGGCCG
ACTGTCTTTCGGGCCGATATGGAGGTCCCTGTGCCGTCTGGGACAACGAGACCTGCCGTCTGTGT
TGCAAGGAGGAAGGACGATCCAGTGGACACTGCAGCCCCAGTCTGAAGTGCTGGTGCGAAGGAT
GCTAGTTCCTCTCCCACTTCGAAGGACGAAACACGCAGTCCCGAAAACCGTTGCTCGAAATCGCA
AGAAAACTACTATGTATATCTTAATTTGTAGCATTGCTTGAGAACTACAAATACACATATTATTGC

AAAGAATTTAGACTCTATTATTCTGGGATTTTCCAATTTCTTATAATCGAAACTTGGGGTTGCCAAC
CTGAGACAATTGCTTTGCTAATATAAGATATTTCGCACTGCTGATGGGATTTGCCCCGGTTTTCCCT
GGTTTGTTCAACCGTGATAGTATGAACCTGTATCACCTCATCATTTGTTAAGTAACCGTCTAATAA
ATCTCAATCGCAAGTAACCTCAGAAAAATTCAAATAACAAATTTACTTGAAATTGGTATTATTTACA
TAAAACTGCGGATTGTAAATATTAGAAATGCCGCTCATAGTAAGTTCTGATAATTTCCATGATTAG
TGGGGGATGTACTATTTTGTCTGAGTCTGAAGCTGTGAGAATTTGGGTTTCGAAAAGCTACAAT
AAATAGTAGTGCAGTATAATAGTTTAATAAAAATTGAATTATAAACTATAATAAAAATAAAACATAAT
ACTAATAGGTAAAAATCTAGAGGGAAATAAGAGATTAAGAAAAACAAGACGGTTCATGTGAAAT
GCATTTTAAAGTTGGACAAATATTGACAAATATATTTAAGTAGTAATATTGATTAGGTAACAGAAA
ATCGTACGCTTCAAAAGGCATTAGCTTATCGGTATTTGATATGCGCTCTTCTCTAAAGTCGTTAT
CTCTGAAGAGGACAGTGCACACTTGAGAAATTGTTGGGGTAGCTTGAAAGACACAGTGCTGACAA
ATAGAACCAGATTCTTCCATACTAAACAAATTAATTCAATATATAAATGCATTGATTCTAAGTTAC
GGTTGGTTTAATTGGTAAAATTGGCTTGATTCTGGGGAAACCCTTAAAAGGGCGTGCAGTTAATG
AAGATGTCACTCATCCATATTCCATAGGCTATTATTAAAGTAATTGTAATTGCTTGCATTAGATTA
GATCGAATACATACAATGTATGTGT

付図8 TMU-8系統 標準型 (5628bp)

GTGTTTTTGGAAATCTAGTGGAAAACTTGGAACCTTGAAAAAGTTGTCTCAATTTGATTTTACGAAA
TGGTTTCATCTCGATAAAAAGAAACTGAAATTGATAAGATCTTCGCACACTTTTGGGATTGAAAG
AATGGTTGTTTTCGGGTATAATATAAAACCTTGTTTATGAATAGTGCATGCTGATCAATCGGTACA
CAAGTTGAGCAATCCTTAAAGTATGCTGACATTAAAGAAGTAAAAATGCGTTGATATATAGGTAT
AACTCAGAATACCATGAGACATATCTTTAATCGGATATTCTCTGCTTACTTAGCTTATCTTACTCG
ATTTCAACCACGATTGCCAGGTAAATCTGGACCCTATAAAAGGCCTTCTTAGGCTGTTGCAAGTAA
TTCGAAAGTAATTACTACCTCAGAATAAAGAAAAACTTTTCGTAAGATGGTGCAGATCCAGGTCC
TGTTTGTATTCTTGGCTGTTTTGACCATCGTGGTCCTGGCTGCCAATATGGCTGATGCATCTGATT
GCATGTCTGAAAAATTCACTGGACCCTGCTTCGCTTGGGATGGAGAACTATGCCGACGCCTCTGC
AAGGAAGAAGGACGAGTCAGTGGACATTGCAGTGCTGGATTGGCTTGTGGTGTGAAGAATGTT
AAATTTATGTTATATTTTGTGCACAAAAAATAAAAAATATATATAAAATATCAGAGCAGAAATAAT
TATATTTTTCTTTTATCTACTCTACTTGGAATTTTTATAATATTGGGACATAGGACTGACTGTGTAT
AATGAAGAAATGCACTTATTGTCTAAATATCTTCATTAAATATAAAATAAATATAATTCAAGTATTGC
AGATAAAGGCAGGAAAAACGATAAAGCGTGTGATAACGAGTTTCTGACCCGCTATTTTATATTTTC
GGGAAGCTTGACGATTTTCAGATAAGACTAAAGATTTGACTTCATAGTCTATTCTCCTGAAAGGCG
TACAAAGGATGTTGAAACCCACTGTTGCAGTCAACAGTACATTAGGAAAGTATCTGAAGACCAAA
GGGGTATGCCACCTATATAAGCTCCCCCATGAGCTATCGAGACCTAACGCCTTCCATAACTCAAC
TAAAGTACCAGCCTTACTGAGAATATATCCTTTACAATGGTGCAGATCAAATTCCTGTTTGCCTTC
CTGGCTGTTTTGACCATCGTTGTCTCTGGCACCCAACCTCGGCGGATGCATATGATTGCATGTCTGG
AACATATTCTGGACCCTGCTTCTCTTGAATACAGAACATTGCCGACGCCTCTGCAAGGAAGAAG
GACGAGTCAGTGGACATTGCAGTCCCAAATTGGCATGTTGGTGTGAAGATTGTTAATTTTTTTCAC
AAAAATATAAGAAATATATATAAAATATTCAAGAGCAGCAAATATAAAGTCTTATATTTTTATGTTG
GGAAAGCTCTAATAATTGTGTCTAATGAATGAGCCAATGTACTTATTTTCTATCGATCTTGCACCTT
AAATCAAATCTGATATTAACCTAACTGATAATAACTAACAACAAAAGACAAGGAACAATAAAA
TGTAAGATGATGATCTTCAGACTCGATTTTCCGGGAAGCTTATCGTCTTCAGATAAGGATATATAT
TTGTCAATTATAACCTGTTCTCCTAAAAAACAAAGTCGAGTGCACCTCAACCTACTGCGTAAATTAGT
CGAAATTCAGGGGGTATAGCACCTATATAAGCTCCCTGCGTGCTGTGAGCCCAAACATCGTT
CACAACCTCAAGTGAAACACCAGTCCCTTTGAGAATATATCATTTACAATGGTGCAGATCAAATTC
TGTTTGCCCTCCTGGCCGTGATGACAATTGTTGTCTCTGGAGGCCAACATGGCGGATGCAGACTTT
CTATCTGAAAAATTTAAGGGAGGTTGCATGGCTTGGAGTGGAGAGAAGTGCCGTCGCCTGTGCA
AGGAAGAAGGAGGCGTCAGTGGACATTGCAGTAGCAACTTTAAATGTTGGTGCGAACAATAAAA
ATCGCATATATTTCAAACTGTAAATTGTTTTAAATAATTCCGTATATTGCATTGTGAAGAGAACT
AATAAATATGTATGTTATTAACCGCATAGTAAATGTTTTAAATTTATTTTGGTTGTTTGCGAATGAT
GGTAACTCAAATTTGTAACCTCAAAAAAATCCGTATGATGTAAAACGTTTTAAAGAATTCTTAAA
AAATTAATAAATAGGTTATTTCAGCGCAAAGTAAACTTTTAAATGCATTTTTCTTATCGTGTAAGA

CAAATCGTCACTGTGAAAACAAATTAAGAACAAATATGTATGTAACATATCACAAAGAACAAGAA
ACCTACGATACAAATAAGAGGTTAACGACTCTTTTTCCGAGAAGGCTTGATAACGATGATTTAAA
TTAAACTCAAGAGGTGTCAATAAAATAGATAAGTGCTTCTGAAGAGTTGAAAATTATTGTTTTGTC
AGCTAAGAACAACGAATTCATATATTATCGGTACAACAATTAATTTAAAAAATTTAAGATTTTCTA
ATATTATGGGACTGTTTCCTGTTTTGCTAAGATAATTAAATTTAATTCATTATTCAAGCAATTTTAA
CCAGTTTCTTAGAAGTCTCGTGATAAATTGTGCATAAAACTAAATAAATGAATAAATGAATTGCTT
AGGTTTTTCACCATGAACAAAAACCGGAAGTGTGCGGTTTCATTTAAATGCATTGCTAGTTTTCTATA
AGAGCATCTATCTATTAGTGCCCTAAAGTATGCAATTTATGAAAAATACACTGCAATCAAAATTAT
GAAATTACTTGCGGTAGATGTAAATGAAAAGATAATTTCTATATACCTATATATAGTTGACGTAAT
CAGTACAATAAATTCTGAAAAATTGTAAAAATTCGAATTAATTATATGTTTCTTTTTTCAAATTCTTTT
TTTTCTTTAAAATTGTTTCATGTGAAAAGCCCCAAAAGTATGCTTTCACAAAAAGTATATTGCATTTA
TTTGCAATTTTCACCATGAATGCAAATTGCCTGGCACTGATATTCTAGGCCTATATAAACGACGGAT
CGCGGTTCAAAAACTCAAAAGTAAAAATTCTAACCAGAGAGTTTTTCTAAAAATGTCGCTTAACA
AAAGCCTGTTTGTTGTCCTCGCCGTGTTGGCCATCGTCCTAGTAATGGTGGCCACGAGACTTCG
GCCATTGATTGTCTCTCGGGAAGATTCAGTGGACCTTGCTGGGCCTGGGATGGAGAGCAGTGCC
GACGCCTCTGCAGGGAAGAAAACCATGTCAGTGGACATTGCAGTGCCAGCCTGAAGTGTTGGTG
CGAAGGATGCTAAGCCGAGCAACCTTAAACGTGTTTTTATTCTTCAATATCTACACATGAATTATG
TATTTTTTATTGTTCTTACAAATAAATACAAAATGTATATCGCGGCCAAAAATGTAATTTAACTGGG
AAACTGCAATATCATTCGGATAGGTATGTTTTTATTTATCCCATGAGAAACATTACCATCTTTAAC
TCAAGAATTTTGATCAACTATTAGATCTGTTTTTCATTTTTTAACCTATCAGCCTTTCATTATTATT
TCATCAGTCAAAAAATATATTCAATATGAAAAATAAATTTGAACGACTCAAGAAAAATGTTGAGCAAC
AAGAATTAATTTTTTACTTAATTGACTTAACGTACGATAGCCGAGATTTATTTAAGTTATATTGGAA
ATATGACATAAAATATGGTATTTTTATTTATTGAATTTGATTTAAAAAAATAAAATTTCTATATTATT
GGAAGGACACTTCCTTTTAATTACTATGAATTTATTATTATGGGCAATAAATCATTTGTATTAATC
CGCATTTTGCAAGTTTAGTTTATGAGACTTGTTCTGGTTTTCTTATAGTTAACATGACAGTGCTA
CTATTGAATCTATTTTCATATTCAAACAGTTTCAACCTGTTTACTAATAGTCTCGTGATAAATAAAT
AAGTCACAGTGCATAAATTTAGCATATGATTTCAATGCAAGTAGAGAAAGAGTGGGGGGATGTCA
CCATAAACAGAAATCGAAACTACCGGCTTTATAGAAATGCATTTCATAGTTTTTATAGTAGAATATT
TATGTGTGTTCTATTCATGCCCCAAAGTATGCTCCTTAAATCCAAGACACTGCATTAGATAATATG
TTCTAGTTATTATCTGTAATTATCTGCTAATCAATCGACGCAGGCAGAATCGAAATTGCCGGGCA
GAGAGATCCCGAACCCTATATAAAGCCCAGAAGCAGTGCTCTATTTACGAGTAAAAGTAAAACCC
TCTGAAAACCTGACAAGATGCAGATCAAGTTCCTGTACTTCTTCCTCGCTGTGATGACCATCTTCAT
CCTGGGCGCCAAGGAAGCCGAGGCCGACTGTCTTTTCGGGCCGATATGGAGGTCCCTGTGCCGTC
TGGGACAACGAGACCTGCCGTGCTGTTTGCAAGGAGGAAGGACGATCCAGTGGACACTGCAGCC
CCAGTCTGAAGTGCTGGTGCGAAGGATGCTAGTTCCTCTCCCACTTCGAAGGACGAAACACGCAG
TCCCGAAAACCGTTGCTCGAAATCGCAAGAAAACCTACTATGTATATCTTAATTTGTAGCATTGCTT

GAGAACTACAAATACACATATTATTGCAAAGAATTTAGACTCTATTATTCTGGGATTTTCCAATTT
CTTATAATCGAAACTTGGGTTGCCAACCTGAGACAATTGCTTTGCTAATATAAGATATTCGCACTG
CTGATGGGATTTGCCCCGGTTTTCCCTGGTTTGTTC AACCGTGATAGTATGAACCTGTATCACCTC
ATCATTTGTTAAGTAACCGTCTAATAAATCTCAATCGCAAGTAACCTCAGAAAAATCAAATAACAA
ATTTACTTGAAATTGGTATTATTTACATAAAACTGCGGATTGTAAATATTAGAAATGCCGCTCATA
GTAAGTTCTGATAATTTCCATGATTAGTGGGGGATGTACTATTTTGTTC TGAGTCTGAAGCTGTGA
GAATTTGGGTTTCGAAAAGCTACAATAAATAGTAGTGCAGTATAATAGTTTAATAAAAATTGAATTA
TAAACTATAATAAAAATAAAACATAATACTAATAGGTAAAAATCTAGAGGGAAATAAGAGATTAAG
AAAAACAAGACGGTTCATGTGAAATGCATTTTAAAGTTGGACAAATATTGACAAATATATTTAAG
TAGTAATATTGATTAGGTAACAGAAAAATCGTACGCTTCAAAAGGCATTAGCTTATCGGTATTTGAT
ATGCGCTCTTTCTCTAAAGTCGTTATCTCTGAAGAGGACAGTGCACACTTGAGAAATTGTTGGGG
TAGCTTGAAAGACACAGTGCTGACAAATAGAACCAGATTCTTCCATACTAAACAAATTAATTCAAT
ATATAAATGCATTGATTCTAAGTTACGGTTGGTTTAATTGGTAAAATTGGCTTGATTCTGGGGAAA
CCCTTAAAAGGGCGTGCAAGTTAATGAAGATGTCACTCATCCATATTCCATAGGCTATTATTAAAGT
AATTGTAATTGCTTGCATTAGATTAGATCGAATACATACAATGTATGTGT

付図9 TMU-13系統 標準型 (5603bp)

GGGTTTTTGGGAATCTAGTGGAAAACTTGGAACTTGGTAAAGTTGTCTCAATTTGATTTTACGAAAT
GGTTTCAACTCGATAAAAAGAACTGAAATTAATAAGATCTTCGCACACTTTTGGGATTGAAAGA
ATGGTTGTTTTTCGGATATAATATAAAAACCTTGTTTATGAATAGTGCATGCTGATCAATCGGTACAC
AAGTTGAGCAATCCTTAAAGTATGCTGGCATTAAAGTAGTAAAAAATGCGTTGATATATAGGTAT
AACTCAGAATACCATGAGACATATCTTTAATCGGATACTCTCTGCTTACTTAGCTTATCTTACTCG
ATTTCAACCACGATTGCCAGGTAAATCTGGACCCTATAAAAGGCCTTCTTAGGCTGTTGCAAGTAA
TTCGAAAGTAATTACTACCTCAGAATAAAGAAACCTTTTTCGTAAGATGGTGCAGATCCAGTTCCT
GTTTGTATTCTTCGCTGTTTTACCATCGTGGTCCTGGCTGCCAATATGGCTGATGCATCTGATTG
CATGTCTGGAAAATTCACTGGACCCTGCTTCGCTTGGGATGGAGAACTATGCCGACGCCTCTGCA
AGGAAGAAGGACGAGTCAGTGGACATTGCAGTGTCTGGATTGGCTTGTTGGTGTGAAGAATGCTA
AATTTATGTTATATTTTTGTGCACAAAAAATAATAAATATATATAAATATCAGAGCAGAAATAATT
ATATTTTTCTTTTATCTACTCTACTTGGAATTTTTATAATATTGGGACATAGGACTGACTGTGTATA
ATGAAGAAATGCTCTTATTGTCTAAATATCTTCATTAAATATAAATAAATATAAATTCAGTATTGCA
GATAAAGGCAGGAAAAACGATAAAGCGTGTGATAACGAGTTTCTGACCCGCTATTTTATATTTTCG
GGAAGCTTGACGATTTTCAGATAAGACTAAAGATTTGACTTCATAGTCTATTCTCCTGAAAGGCGT
ACAAAGGATGTTGAAACCCACTGTTGCAGTCAACAGTACATTAGGAAAGTATCTGAAGACCAAAG
GGGTATGCCACCTATATAAGCTCCCCCATGAGCTATCGAGACCTAACGCCTTCCATAACTCAACT
AAAGTACCAGCCTTACTGAGAATATATCCTTTACAATGGTGCAGATCAAATTCCTGTTTGCCTTCC
TGGCTGTTTTTGACCATCGTTGTCTCTGGCACCCAACTCGGCGGATGCATATGATTGCATGTCTGGA
ACATACTCTGGACCCTGCTTCTCTTGAATACAGAACATTGCCGACGCCTCTGCAAGGAAGAAGG
ACGAGTCAGTGGACATTGCAGTCCCAAATTGGCATGTTGGTGTGAAGATTGTTAATTTTTTTCACA
AAAATATAAGAAATATATATAAAATATTCAGAGCAGCAAATATAAAGTCTTTTATTTTTATGTTGG
GAAAGCTCTAATAATTGTGTCTAATGAATGAGCCAATGTACTTATTTCTATCGATCTTGCACCTTA
AATCAAATCTGATATTAATACTTAACTGATAATACTAACAACAAAAGACAAGGAACAATAAAAT
GTAAGATGATGATCTTCAGACTCGATTTTCCGGGAAGCTTATCGTCTTCAGATAAGGATATATATT
TGCCATTATAACCTGTTCTCCTAAAAAACAAAGTCGAGTGCACCTCAACCTACTGCGTAAATTAGTC
GAAATTCAAGGGGGTATAGCACCTATATAAGCTCCCTGCGAGCTGTCGAGCCCAAACATCGTTC
ACAACCTCAAGTGAAACACCAGTCCCTTTGAGAATATATCATTTACAATGGTGCAGATCAAATTCCT
GTTTGGCCCTCCTGGCCGTGATGACAAATTGTTGTCTCTGGAGGCCAACATGGCGGATGCAGACTTTC
TTTCTGGAATAATTAAGGGAGGTTGCATGGCTTGGAGTGGAGAGAAGTGCCGTCGCCTGTGCAA
GGAAGAAGGAGGCGTCAGTGGACATTGCAGTAGCAACTTTAAATGTTGGTGCGAACAATAAAAAAT
CGCATACATTTCAAACTGTAAATTGTTTTAAATAATTCCGTATATTGCATTGTGAAGAGAACTAA
TAAATAGTAAATGTTTAAATTTATTTTGCTTGTGCGAATGATGGTAACTCAAATTTGTAACCTC
AAAAAAAATCCGTATGATGTAAACGCTTTAAAGAATTCCTAAAAAATTAATAAATAGGTTATTCA
GCGCAAAGTAAACTTTTTAAATGCATTTTTCTTATCGTGTAAGACAAATCGTCACTGTGAAAACAA

ATTAAGAACAAATATGTATGTAACATATCACAAAGAACAAGAAACCTACGATACAAATAAGAGGT
TAACGACTCTTTTTCCGAGAAGGCTTGATAACGATGATTTAAATTAAACTCAAGAGGTGTCAATAA
AGTAGATAAGTGCTTCTGAAGAGTTGAAAATTATTGTTTTGTCAGCTAAGAACAACGAATTCATAT
ATTATCGGTACAACAATTAATGTAAAAAATTGAAGATTTTCTAATATTATGGGACTGTTTCCTGTT
TTGCTAAGATAATTAATTTAATTCATTATTCAAGCAATTTTAACCAGTTTCTTAGAAGTCTCGTG
ATAAATTGTGCATAAACTAAATATATGAATAAATGAATTGCTTAGGTTTTCCCATGAACAAAA
CCGGAACGTGCGGGTTCATTTAAATGCATTGCTAGTTTTCTATAAGAGCATCTATCTATTAGTGCC
CTAAAGTATGCAATTTATGAAAAATACACTGCAATCAAAATTATGAAATTACTTGCGGTAGTAAAA
ACCTCATTAGATGTATGATCATTCTATATTCTTATATAAACTGACTGTAAGATAATTAACGTGA
TCAGTACAATAAATTTCTGAAAAATTGTAAAAATGTAATTTAATATTTGTTTTCTTTTCAAATTTT
TTTTTCATGTGAAAAGCCCCAAAAGTATGCTTTCACAAAAAGTATATTGCATTTATTTGCATTTTCA
CCATGAATGCAAAATGCGCTGGCACTGATATTCGGGCCCTATATAAACGGCGGATCGCGGTTCAAA
AACTCAAAAGTAAACATTCTAACCAGAGAGTTTTTCTAAAAATGTCGCTTAACAAAAGCCTGTTT
GTTGTCCTCGCCGTGTTGGCCATCGTCCTAGTAATGGTGGCCACGAGACTTCGGCCATTGATTG
TCTCTCGGGAAGATTCAGTGGACCTTGCTGGGCCTGGGATGGAGAGCAGTGCCGACGCCTCTGC
AGGGAAGAAAACCATGTCAGTGGACATTGCAGTGCCAGCCTGAAGTGTTGGTGCGAAGGATGCT
AAGCCGAGCAACCTTAAACGTGTTTTTATTCTTCAATATCTACACATGAATTATGTATTTTTTATT
GTTCTTACAAATAAATACAAAACATATATCACTGCAAAAATGTAATTTAACTGGGAACTTGAATG
TCATTCCGATAGGTATGTTTTTATTTATCCCATGAGAAACATTACCATCTTTAACTCAAGAATTTT
GATCAACTATTAGATCTGTTCTTCATTTTTTAAACCTATCAGCTTTTTTATTATTATTTACAGCAGTCAA
AAATATATTCAATATGAAAATAATTAATTTTTTACTTAATTGACTTAACTTACGATAGCCGAGATTT
ATTTAAGTTATATTGGAAATATAATTTCTAATTTAGAAATTTATCCTAGTATCTAAAATTTCTATAT
TTTTCTTGATCTAAAAATCTATATTATTGGATGGACACTTCCTTTTAATTACTATGAATTTATTA
TTATGGGCAATAAATCATTTGTATTAATCCGCATTTTGCAAGTTTAGTTTATGAGACTTGTTCTGG
TTTTCTTATAGTTAACATGACAGTGCTACTATTGAATCTATTTTCATATTCAAACAGTTTCAACCT
GTTTACTAATAGTCTCGTGATAAATAAATAAGTCACAGTGCAATAATTTAGCATATGATTTCAATG
CAAGTAGAGAAAGAGTGGGGGGATGTCACCATAAACAGAAATCGAAACTACCGGCTTTATAGAA
ATGCATTTCATAGTTTTTATAGTAGAATATTTATGTGTGTTCTATTCATGCCCCAAAGTATGCTCCT
TAAATCCAAGACACTGCATTAGATAATATGTTCTAGTTATTATCTGTAATTATCTGCTAATCAATC
GACGCAGGCAGAATCGAAATTGCCGGGCAGAGAGATCCCGAACCTATATAAAGCCAGAAAGCA
GTGCTCTATTTACGAGTAAAAGTAAAACCCTCTGAAAACTGACAAGATGCAGATCAAGTTCCTGT
ACTTCTTCCTCGCTGTGATGACCATCTTCATCCTGGGCGCCAAGGAAGCCGAGGCCGACTGTCTT
TCGGGCCGATATGGAGGTCCCTGTGCCGTCTGGGACAACGAGACCTGCCGTCGTGTTTGCAAGG
AGGAAGGACGATCCAGTGGACACTGCAGCCCCAGTCTGAAGTGCTGGTGCGAAGGATGCTAGTT
CCTCTCCCACTTCGAAGGACGAAACACGCAGTCCCGAAAACCGTTGCTCGAAATCGCAAGAAAAAC
TACTATGTATATCTTAATTTGTAGCATTGCTTGAGAACTACAAATACACATATTATTGCAAAGAAT

TTAGACTCTATTATTCTGGGATTTTCCAATTTCTTATAATCGAAACTTGGGTTGCCAACCTGAGAC
AATTGGTTTTGCTAATATAAGATATTGCGACTGCTGATGGGATTTGCCCCGGTTTTCCCTGGTTTGT
TCAACCGTGATAGTATGAACCTGTATCACCTCATCATTTGTTAAGTAACCGTCTAATAAATCTCAA
TCGCAAGTAACCTCAGAAAATTCAAATAACAAATTTACTTGAAATTGGTATTATTTACATAAAACT
GCGGATTGTAAATATTAGAAATGCCGCTCATAGTAAGTTCTGATAATTTCCATGATTAGTGGGGG
ATGTACTATTTTGTCTGAGTCTGAAGCTGTGAGAATTTGGGTTTCGAAAAGCTACAATAAATAGT
AGTGCAGTATAATAGTTTAATAAAAATTGAATTATAAACTATAATAAAATAAAACATAATACTAATA
GGTAAAAATCTAGAGGGAAATAAGTGATTAAGAAAAACAAGACGGTTCATGTGAAATGCATTTT
AAAGTTGGACAAATATTGACAAATATATTTAAGTAGTAATATTGATTAGGTAACAGAAAATCGTAC
GCTTCATAAGGCATTAGCTTATCGGTATTTGATATGTGGTCTTTCTCTAAAGTCGTGATCTCTGAA
GAGGACAGTGCGCACTTGAGAAATTGTTGGGGTAGCTTGAAAGACACAATGCTGATAAATAGAAC
CAGATTCTTCATACTAAACAAATTAATTCAATATATAAATGCATTGATTCTAAGTTACGGTTGGT
TTAATTGGTAAAAATTGGCTTGGTTCTGGGGAAACCCTTTAAAAGGGCGTGCAGTTAATGAAGATG
TCACTCATCCATATTCCATAGGCTATTATTAAAGTAATTGTAATTGCTTGCATTTGTTTGCATTAG
ATTAGATCGAATACATACAATGTATGTGT

付図10 TMU-5 系統 長型 (6394bp)

GTGTTTTTGGAAATCTAGTGGAAAACTTGGAACTTGGAAAAGTTGTCTCAATTTGATTTTACGAAA
TGGTTTCATCTCGATAAAAAGAACTGAAATTGATAAGATCTTCGCACACTTTTGGGATTGAAAG
AATGGTTGTTTTCGGATATAATATAAAACCTTGTTTATGAATAGTGCATGCTGATCAATCGGTACA
CAAGTTGAGCAATCCTTAAAGTATGCTGGCATTAAAGTAGTAACAAGAAAGGAAGCTAGCTTCGG
CCAGCCGAAGCTTATATACCCTTGACAGATCATTCTATTAATTTACAAATCGCAAAAATGTTAAAT
TTCCTATTATTCTCTTATTTTCTTCCGATCGTTTCTATGGCAGCTATATGATATAGTAGTTTCGATTT
TGATAAAATTAAAATCGAAATTCGGAAATATTTAAAAAGAGTCATATCCCAGAGTAGAAGAGAAT
ACAATAAAAACCAACGAAGCAATAATTTATTTTCTTATTATATTTCCCATTAATTTTCCGATCGTTCC
TATGGCAGCTATATGATATAGTCGTCTGATTTTGGATAAAATTTTATTCGAAATTCAGAAATAATTA
AAAATAATATTCCCAAGATTAGAAGGTAATACTTCAAAAAACACCGAAGCTAGAATTTTTTTTACC
GTTTTTTTTTTTCGATCCTTCTATGGGAGCTATAGGATATAGTTGACCGATCCGGTCGGTTCCGAC
TTATATACTACCTGCAATAGTAAGAAGACTTTTGGGAAAGTTTCATCCCGATAGCTTAAAACTGA
GAGACTAGTTTGCGTAGAAACAGGCAGACGGACAGACGGACAGACGGACAGACGGACAGACGGGA
CAGACGGACGGACAGACGGACATGGCTAGATCGACTCGACTAGTGATGCTGATCAAGAATATAT
ATACTTTATGGGGTCGGATACGTCTCCTTCACTGCGTTGCAAACCTTCTGACTGAAATCATAATACC
CTCTGCAAGGGTATAAACAACTTCTGACTGAAATCATAATACCCTCTGCAAGGGTATAAAAAATG
CGTTGATATATAGGTATAAATCAGAATACCATGAGACATATCTTTAATCGGATACTCTCTGCTTAC
TTAGCTTATCTTACTCGATTTTACCACGATTGCCAGGTAAATCTGGACCCTATAAAAGGCCTTCTT
AGGCTGTTGCAAGTAATTCGAAAGTAATTACTACCTCAGAATAAAGAAAAACTTTTCGTAAGATG
GTGCAGATCCAGTTCCCTGTTTGTATTCTTCGCTGTTTTTACCATCGTGGTCTGCTGGCTGCCAATATG
GCTGATGCATCTGATTGCATGTCTGGAAAATTCCTGGACCCTGCTTCGCTTGGGATGGAGAACT
ATGCCGACGCCTCTGCAAGGAAGAAGGACGAGTCAGTGGACATTGCAGTGCTGGATTGGCTTGT
TGGTGTGAAGAATGCTAAATTTATGTTATATTTTGTGCACAAAAAATAATAAATATATATAAATA
TCAGAGCAGAAATAATTATATTTTTCTTTTATCTACTCTACTTGGAATTTTTATAATATTGGGACAT
AGGACTGACTGTGTATAATGAAGAAATGCTCTTATTGTCTAAATATCTTCATTAAATATAAATGAA
TATGATACAGTATTGCAGATAAAGGCAGGAAAAACGATAACGCGTGTGATAACGAGTTTCTGACC
CGCTATTCCGGGAAGCTTGCCGATTTTCAATAAGACTAAAGGTTTGAATTCGTAGTCTATTCTCCT
GAAAGGCATACAAAGGATGTTGAAACCCACTGTTGCAGTCAACAGTACATTAGGAAAGTATCTGA
AGACCAAAGGGGTATGCCACCTATATAAGCTCCCCATGAGCTATCGAGACCTAACGCCTTCCAT
AACTCAACTAAAGTACCAGCCTTACTGAGAATATATCCTTTACAATGGTGCAGATCAAATTCCTGT
TTGCCTTCTGCTGCTGTTTTGACCATCGTTGTCTTGGCACCCAACTCGGCGGATGCATATGATTGC
ATGTCTGGAACATACTCTGGACCCTGCTTCTTGGGAATACAGAACATTGCCGACGCCTCTGCAA
GGAAGAAGGACGAGTCAGTGGACATTGCAGTCCCAAATTTGGCATGTTGGTGTGAAGATTGTTAAT
TTTTTCACAAAAATATAAGAAATATATATAAAAAAGTCTTTTTATTTTTATGTTGGGAAAGCTCTAAT

AATTGTGTCTAATGAATGAGCCAATGTACTTATTTTCTATCGATCTTGCACTTAAATCAAATCTGA
TATTAAC TACTTAACTGATAATAACTAACAACAAAAGACAAGGAACAATAAAATGTAAGATGATG
ATCTTCAGACTCGATTTTCCGGGAAGCTTATCGTATTCAGATAAGGATATATATTTGCCGTTATAA
CCTGTTCTCCTAAAAAACAAAGTCGAGTGCACCTACTGCGTAAATTAGTCGAAATTCAAG
GGGGTATAGCACCTATATAAGCTCCCCTGCGAGCTGTGCGAGCCCAAACATCGTTCCAACTCAAG
TGAAACACCAGTCCCCTTTGAGAATATATCATTTACAATGGTGCAGATCAAATTCCTGTTTGCCCTC
CTGGCCGTGATGACAATTGTTGTCCTGGAGGCCAACATGGCGGATGCAGACTTTCTTTCTGGAAA
ATTTAAGGGAGGTTGCATGGCTTGGAGTGGAGAGAAGTGCCGTCGCCTGTGCAAGGAAGAAGGA
GGCGTCAGTGGACATTGCAGTAGCAACTTTAAATGTTGGTGCGAACAATAAAAAATCGCATACATT
TCAAACTGTAAATTGTTTAAATAATTCCGTATATTGCATTGTGAAGAGAACTAATAAATAGTAA
ATGTTTAAATTTATTTTGCTTGTGCGAATGATGGTAACTCAAATTTGTAACCTCAAAAAAATC
CGTATGATGTAAACGTTTTAAAGAATTCTTAAAAAATTAAAAAATAGGTTATTCAGCGCAAAGTA
AACTTTTAAATGCATTTTCTTATCGTGTAAGACAAATCGTCACTGTGAAAACAAATTAAGAACA
AATATGTATGTAACATATCACAAAGAACAAGAAACCTACGATACAAATAAGAGGTTAACGACTCT
TTTTCCGAGAAGGCTTGATAACGATGATTTAAATTAACTCAAGAGGTGTCAATAAAGTAGATAA
GTGCTTCTGAAGAGTTGAAAATTATTGTTTTGTGCGCTAAGAACAACGAATTCATATATTATCGGT
ACAACAATTAATTTAAAAAATTGAAGATTTTCTAATATTATGGGACTGTTTCCTGTTTTGCTAAGA
TAATTAATTTAATTCATTATTCAAGCAATTTTAACCAGTTTCTTAGAAGTCTCGTGATAAATTGT
GCATAAACTAAATATATGAATAAATGAATTGCTTAGGTTTTACCATGAACAAAAACCGGAACT
GTCGGGTTTCATTTAAATGCATTGCTAGTTTTCTATAAGAGCATCTATCTATTAGTGCCCTAAAGTA
TGCAATTTATGAAAAATACACTGCAATCAAAATTATGAAATTACTTGCGGTAGTAAAAACCTCATT
AGATGTATGATCATTTCTATATTCTTATATAAACTGACTGTAAGATAATTAACGTGATCAGTACA
ATAAATTCTGAAAAATTGTAAAAATGTAATTTAATATTTGTTTTCTTTTCAAATTTATTTTTTTTCAT
GTGAAAAGCCCCAAAAGTATGCTTTCACAAAAAGTATATTGCATTTATTTGCATTTTCACCATGAAT
GCAAATTGCCTGGCACTGATATTCGGGGCCTATATAAACGGCGGATCGCGGTTCAAAAACTCAA
AAGTAAACATTCTAACAGAGAGTTTTTCTAAAAATGTGCTTAACAAAAGCCTGTTTGTTGTCTCT
CGCCGTGTTGGCCATCGTCCTAGTAATGGTGGCCACGAGACTTCGGCCATTGATTGTCTCTCGG
GAAGATTCACTGGACCTTGCTGGGCCTGGGATGGAGAGCAGTGCCGACGCCTCTGCAGGGAAGA
AAACCATGTCAGTGGACATTGCAGTGCCAGCCTGAAGTGTTGGTGCGAAGGATGCTAAGCCGAG
CAACCTTAAACGTGTTTTTATTCTTCAATATCTACACATGAATTATGTATTTTTTATTGTTCTTACA
AATAAATACAAAATGTATATCGCGGCAAAAATGTAATTTAACTGGGAACTGCAATATCATTCGG
ATAGGTATGTTTTTATTTATCCCATGAGAAACATTACCATCTTTAACTCAAGAATTTTGATCAACT
ATTAGATCTGTTTTTCATTTTTTAACCTATCAGCCTTTCATTATTATTTTCATCAGTCAAAAATATAT
TCAATATGAAAATAAATTTGAACGACTCAAGAAAAATGTTGAGCAACAAGAATTAATTTTTACTTA
ATTGACTTAACGTACGATAGCCGAGATTTATTTAAGTTATATTGGAAATATGACATAAAATATGGT
ATTTTATTTATTGAATTTGATTTAAAAAATAAAATTTCTATATTATTGGAAGGACACTTCCTTTTA

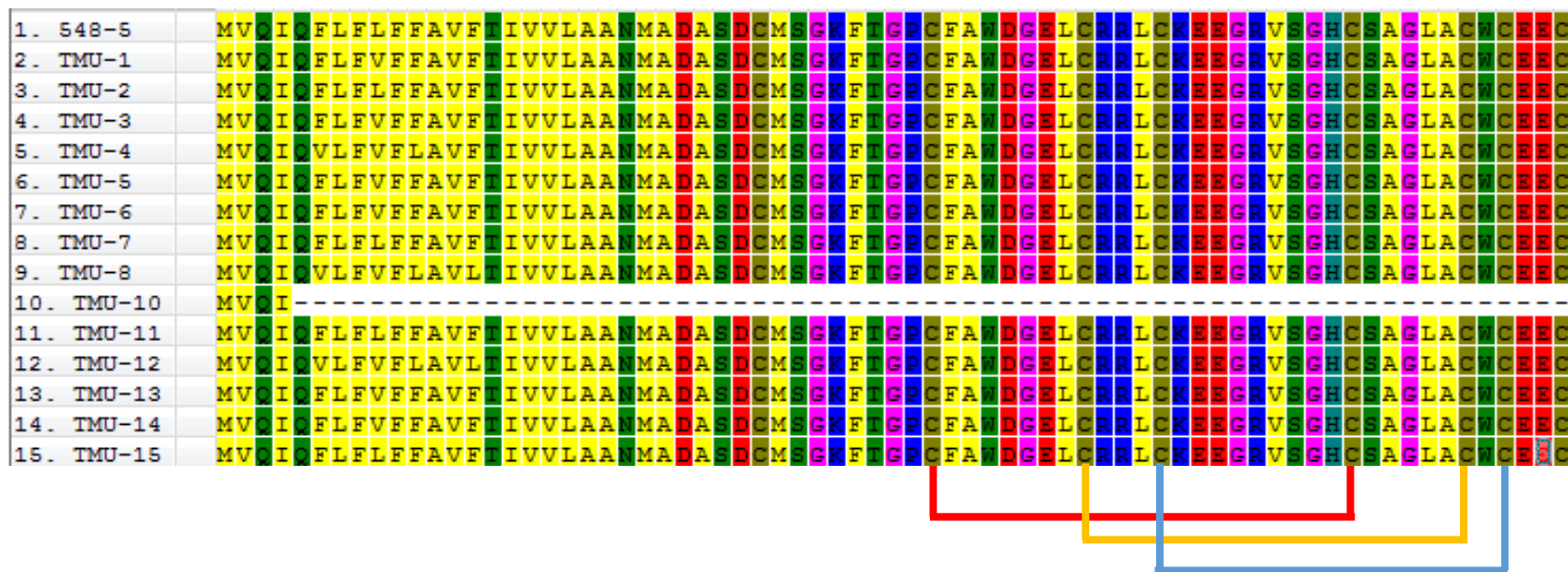
ATTACTATGAATTTATTATTATGGGCAATAAATCATTTGTATTAATCCGCATTTTGCAAGTTTAGTT
TATGAGACTTGTTCTGGTTTTTCCTTATAGTTAACATGACAGTGCTACTATTGAATCTATTTTCATAT
TCAAACAGTTTCAACCTGTTTACTAATAGTCTCGTGATAAAATAAATAAGTCACAGTGCATAAATTT
AGCATATGATTTCAATGCAAGTAGAGAAAGAGTGGGGGGATGTCACCATAAACAGAAATCGAAAC
TACCGGCTTTATAGAAATGCATTCATAGTTTTTATAGTAGAATATTTATGTGTGTTCTATTCATGC
CCCAAAGTATGCTCCTTAAATCCAAGACACTGCATTAGATAATATGTTCTAGTTATTATCTGTAAT
TATCTGCTAATCAATCGACGCAGGCAGAATCGAAATTGCCGGGCAGAGAGATCCCGAACCTATA
TAAAGCCCAGAAGCAGTGCTCTATTTACGAGTAAAAGTAAAACCCTCTGAAAACCTGACAAGATGC
AGATCAAGTTCCTGTACTTCTTCCTCGCTGTGATGACCATCTTCATCCTGGGCGCCAAGGAAGCC
GAGGCCGACTGTCTTTTCGGGCCGATATGGAGGTCCCTGTGCCGTCTGGGACAACGAGACCTGCC
GTCGTGTTTGCAAGGAGGAAGGACGATCCAGTGGACACTGCAGCCCCAGTCTGAAGTGCTGGTG
CGAAGGATGCTAGTTCCTCTCCCACTTCGAAGGACGAAACACGCAGTCCCGAAAACCGTTGCTCG
AAATCGCAAGAAAACACTACTATGTATATCTTAATTTGTAGCATTGCTTGAGAACTACAAATACACAT
ATTATTGCAAAGAATTTAGACTCTATTATTCTGGGATTTTCCAATTTCTTATAATCGAAACTTGGG
TTGCCAACCTGAGACAATTGCTTTGCTAATATAAGATATTCGCACTGCTGATGGGATTTGCCCCG
GTTTTCCCTGGTTTGTTCAACCGTGATAGTATGAACCTGTATCACCTCATCATTTGTAAAGTAACC
GTCTAATAAATCTCAATCGCAAGTAACCTCAGAAAATTCAAATAACAAATTTACTTGAAATTGGTA
TTATTTACATAAAACCTGCGGATTGTAAATATTAGAAATGCCGCTCATAGTAAGTTCTGATAATTTCT
CATGATTAGTGGGGGATGTACTATTTTGTCTGAGTCTGAAGCTGTGAGAATTTGGGTTTCGAAA
AGCTACAATAAATAGTAGTGCAGTATAATAGTTTAAATAAAATTTGAATTATAAACTATAATAAATA
AAACATAATACTAATAGGTAAAAATCTAGAGGGAAATAAGAGATTAAGAAAAACAAGACGGTTC
ATGTGAAATGCATTTTAAAGTTGGACAAATATTGACAAATATATTTAAGTAGTAATATTGATTAGG
TAACAGAAAATCGTACGCTTCAAAAGGCATTAGCTTATCGGTATTTGATATGCGCTCTTTCTCTAA
AGTCGTTATCTCTGAAGAGGACAGTGCACACTTGAGAAATTGTTGGGGTAGCTTGAAAGACACAG
TGCTGACAAATAGAACCAGATTCTTCCATACTAAACAAATTAATTCAATATATAAATGCATTGATT
CTAAGTTACGGTTGGTTTAATTGGTAAAATTGGCTTGATTCTGGGGAAACCCTTAAAAGGGCGTG
CAGTTAATGAAGATGTCACTCATCCATATTCATAGGCTATTATTAAAGTAATTGTAATTGCTTGC
ATTAGATTAGATCGAATACATACAATGTATGTGT

付図11 TMU-10系統 短型 (4853bp)

GGGTTTTTGGGAATCTAGTGGAAAACTTGGAACTTGGAAAAGTTGTCTCAATTTGGTTTTTACGAAA
TGGTTTCAACTCGATAAAAAGAACTGAAATTGATAAGATCTTCGCACACATTTGGGATTGAAAG
GTATAATATAAAACCTTGTTTATGAATAGTGCATGCTGATCAATCGGTACACAAGTTGAGCAATCC
TTAAAGTATGCTGACATTAAAGAAGTAAAAATGCGTTGATATATAGGTATAACTCAGAATACCAT
GTGACATATCTTTAATCGGATATTCTCTGCTTACTTAGCTTATCTTACTCGATTTACCACGATTG
CCAGGTAAATCTGGACCCTATAAAAGGCCTTCTCAGGCTGTTGCAAGTAATTCGAAAGTAATTAC
TACCTCAGAATAAAGAAAACTTTTCGTAAGATGGTGCAGATCAAATTCCTGTTTGCCTTCCTGGC
TGTTTTGACCATCGTTGTCCTGGCACCCAACTCGGCGGATGCATATGATTGCATGTCTGGAACAT
ACTCTGGACCCTGCTTCTCTTGGGAATACAGAACATTGCCGACGCCTCTGCAAGGAAGAAGGACGA
GTCAGTGGACATTGCAGTCCCAAATTGGCATGTTGGTGTGAAGACTGTTAAATTTTTTTCACAAA
AATATAAGAAATATATATAAAATATTCAGAGCAGCAAATATAAAGTCTTTTATTTTTATGTTGGGA
AAGCTCTAATAATTGTGTCTAATGAATGAGCCAATGTACTTATTTTCTATCGATCTTGCACTTAAA
TCAAATCTGATATTAACTACTTAACTGATAATACTAACAACAAAAGACAAGGAACAATAAAATGT
AAGATGATGATCTTCAGACTCGATTTTCCGGGAAGTTTATCGTCTTCAGATAAGGATATATATTTG
CCATTATAACCTGTTCTCCTAAAAAACAAAGTCGAGTGCACCTCAACCTACTGCGTAAATTAGTCGA
AATTCAAGGGGGTATAGCACCTATATAAGCTCCCTGCGAGCTGTGAGCCCAAACATCGTTTAC
AACTCAAGTGAAACACCAGTCCCTTTGAGAATATATCATTTACAATGGTGCAGATCAAATTCCTGT
TTGCCCTCCTGGCCGTGATGACAATTGTTGTCCTGGAGGCCAACATGGCGGATGCAGACTTTCTT
TCTGGAATAATTAAGGGAGGTTGCATGGCTTGGAGTGGAGAGAAGTGCCGTCGCCTGTGCAAGG
AAGAAGGAGGCGTCAGTGGACATTGCAGTAGCAACTTTAAATGTTGGTGCGAACAATAAAAAATCG
CGTATATTTCCAACTGTAAATTGTTTTAAATAATTCCGTATATTGTTTTGTGAAGAGAACTAATA
AATAGTAAATGTTTAAATTTATTTTGCTTGGTTGCGAATGATGGTAACTCAAATTTGTAACCTCAA
AAAAATCCGTATGATGTAAACGTTTTTAAAGAATTCTTAGCGCAAAGTAACTTTTTAAATGCATT
TTTCCTTATCGTGTAAGACAAATCGTCACTGTGAAAACAAATTAAGAACAAATATGTATGTAACAT
ATCACAAAGAACGGGAAACCTACGATACAAATAAGAGGTAAACGACTCTTTTCCGAGAAGGCTT
GATAACGATGATTTAAATTAACTCAAGAGGTGTCAATAAAATAGATAAGTGCTTCTGAAGAGTT
GAAAATTATTGTTTTGTCAGCTAAGAACAACGAATTCATATATTATCGGTACAACAATTAATTTAA
AAAATTGAAGATTTTCTAATATTATGGGACTGTTTCTTGTGTTTGTGTAAGATAATTAAATTTAATTCA
TTATTCAAGCAATTTTAACCAGTTTCTTAGAAGTCTCGTGATAAATTGTGCATAAACTAAATAAA
TGAATAAATGAATTGCTTAGGTTTTACCATGAACAAAAACCGGAAGTGTGCGGTTTCATTTAAAT
GCATTGCTAGTTTTCTATAAGAGCATCTATCTATTAGTGCCCTAAAGTATGCAATTTATGAAAAAT
ACACTGCAATCAAAATTATGAAATTACTTGCGGTAGTAAAAACCTCATTAGATGTATGATCATTTTC
TATATTCTTATATAAACTGACTGTAAGATAATTAACGTGATCAGTACAATAAATTTCTGAAAAATT
GTAAAAATGTAATTTAATATTTGTTTCCTTTTCAAATATTTTTTTTTTCATGTGAAAAGCCCCAAAG
TATGCTTTCACAAAAAGTATATTGCATTTATTTGCATTTTCACCATGAATGCAAATTGCCTGGCAC

TGATATTCGGGGCCTATATAAACGGCGGATCGCGGTTCAAAAACTCAAAAGTAAACATTCTAAC
CAGAGAGTTTTTCTAAAAATGTCGCTTAACAAAAGCCTGTTTGTGTCTCGCCGTGTTGGCCATC
GTCCTAGTAATGGTGGCCACGAGACTTCGGCCATTGATTGTCTCTCGGGAAGATTCAAGTGGACC
TTGCTGGGCCTGGGATGGAGAGCAGTGCCGACGCCTCTGCAGGGAAGAAAACCATGTCAGTGGA
CATTGCAGTGCCAGCCTGAAGTGTGGTGCGAAGGATGCTAAGCCGAGCAACCTTAAACGTGTTT
TTATTCTTCAATATCTACACATGAATTATGTATTTTTTTATTGTTCTTACAAATAAATACAAAACATA
TATCACTGCAAAAATGTAATTTAACTGGGAACTTGAATGTCATTTCGGATAGGTTTGTATTTTATTT
ATCCCATGAGAAACATTACCATCTTTAACTCAAGAATTTTGATCAACTATTAGATCTGTTCTTCAT
TTTTTAACCTATCAGCTTTTTTATTATTATTTTTCAGCAGTCAAAAATATATTCAATATGAAAATAATTA
ATTTTTACTTAATTGACTTAACGTACGATAGCCGAGATTTATTTAAGTTATATTGGAAATATAATT
TCTAATTTAGAAATTTATCCTTGTATCTAAAATTTCTATATTTTTCTTGCATCTAAAAATTCTATAT
TATTGGATGGACACTTCCTTTTAATTACTATGAATTTATTATTATGGGCAATAAATCATTTGTATTA
ATCCGCATTTTGAAGTTTAGTTTATGAGACTTGTCTGGTTTTCTTATAGTTAACATGACAGTG
CTACTATTGAATCTATTTTCATATTCAAACAGTTTCAACCTGTTTACTAATAGTCTCGTGATAAATA
AATAAGTCACAGTGCATAAATTTAGCATATGATTTCAATGCAAGTAGAGAAAGAGTGGGGGGATG
TCACCATAAACAGAAATCGAAACTACCGGCTTTATAGAAATGCATTCATAGTTTTTATAGTAGAAT
ATTTATGTGTGTTCTATTCATGCCCCAAAGTATGCTCCTTAAATCCAAGACACTGCATTAGATAAT
ATGTTCTAGTTATTATCTGTAATTATCTGCTAATCAATCGACGCAGGCAGAATCGAAATTGCCGG
GCAGAGAGATCCCGAACCTATATAAAGCCCAGAAGCAGTGCTCTATTTACGAGTAAAAGTAAAA
CCCTCTGAAAACCTGACAAGATGCAGATCAAGTTCCTGTACTTCTTCCCTCGCTGTGATGACCATCTT
CATCCTGGGCGCCAAGGAAGCCGAGGCCGACTGTCTTTTCGGGCCGATATGGAGGTCCCTGTGCC
GTCTGGGACAACGAGACCTGCCGTCTGTTTGAAGGAGGAAGGACGATCCAGTGGACACTGCA
GCCCCAGTCTGAAGTGCTGGTGCGAAGGATGCTAGTTCTCTCCCACTTCGAAGGACGAAACACG
CAGTCCCCGAAAACCGTTGCTCGAAATCGCAAGAAAACCTACTATGTATATCTTAATTTGTAGCATTG
CTTGAGAACTACAAATACACATATTATTGCAAAGAATTTAGACTCTATTATTCTGGGATTTTCCAA
TTTTCTTATAATCGAAACTTGGGTTGCCAACCTGAGACAATTGCTTTGCTAATATAAGATATTGCGA
CTGCTGATGGGATTTGCCCCGGTTTTCCCTGGTTTTGTTCAACCGTGATAGTATGAACCTGTATCA
CCTCATCATTTGTTAAGTAACCGTCTAATAAATCTCAATCGCAAGTAACCTCAGAAAATTCAAATA
ACAAATTTACTTGAAATTGGTATTATTTACATAAACTGCGGATTGTAAATATTAGAAATGCCGCT
CATAGTAAGTTCTGATAATTTCCATGATTAGTGGGGGATGTACTATTTTGTCTGAGTCTGAAGCT
GTGAGAATTTGGGTTTCGAAAAGCTACAATAAATAGTAGTGCAGTATAATAGTTTAATAAAATTG
AATTATAAACTATAATAAAATAAAACATAATACTAATAGGTAAAAATCTAGAGGGAAATAAGTGAT
TAAACAAGACGGTTCATGTGAAATGCATTTTAAAGTTGGACAAATATTGACAAATATATTTAAGT
AGTAATATTGATTAGGTAACAGAAAATCGTACGCTTCATAAGGCATTAGCTTATCGGTATTTGATA
TGTGGTCTTTCTCTAAAGTCGTTATCTCTGAAGAGGACAGTGCGCACTTGAGAAATTGTTGGGGT
AGCTTGAAAGACACAATGCTGACAAATAGAACCAGATTCTTCCATACTAAACAAATTAATTCAATA

TATAAATGCATTGATTCTAAGTTACGGTTGGTTTAATTGGTAAAATTGGCTTGGTTCTGGGGAAAC
CCTTTAAAAGGGCGTGCAGTTAATAAAGATGTCACTCATCCATATTCCTTAGGCTATTATTAAAGT
AATTGTAATTGCTTGCATTTGTTTGCATTAGATTAGATCGAATACATACAATGTATGTGT



付図12 *D. lutescens*における*Dro3-1A*アミノ酸アライメント

*D. lutescens*15系統の*Dro3-1A*アミノ酸配列を示す。線はそれぞれのジスルフィド結合を示す。

